

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

THIS PAGE BLANK (USPTO)

**THIS PAGE BLANK (USPTO)
THIS IS A NON-REPRODUCTION COPY**

①⑨ RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
INSTITUT NATIONAL
DE LA PROPRIÉTÉ INDUSTRIELLE
PARIS

①⑪ N° d publication :
(à n'utiliser que pour les
commandes de reproduction)

2 692 594

②① N° d' nregistrement national :

92 07571

⑤① Int Cl⁵ : C 12 P 21/02

①②

DEMANDE DE BREVET D'INVENTION

A1

②② Date de dépôt : 22.06.92.

③⑦ Priorité :

⑦① Demandeur(s) : PEREZ Jean-Claude — FR.

④③ Date de la mise à disposition du public de la
demande : 24.12.93 Bulletin 93/51.

⑤⑥ Liste des documents cités dans le rapport de
recherche préliminaire : *Ce dernier n'a pas été
établi à la date de publication de la demande.*

⑥⑦ Références à d'autres documents nationaux
apparentés :

⑦② Inventeur(s) : PEREZ Jean-Claude.

⑦③ Titulaire(s) :

⑦④ Mandataire :

⑤④ Le Langage Global de l'Expression des gènes: Applications à l'analyse, au contrôle et à l'optimisation des
interactions globales entre Régions non codantes et codantes de divers gènes.

⑤⑦ La présente invention s'appuie sur le brevet "PRO-
CEDE D'ANALYSE DE L'ORDRE GLOBAL DES
SEQUENCES D'ADN/ARN" déposé ce même jour.
L'invention s'applique à deux domaines distincts:

- La localisation, l'identification et l'optimisation des zones fonctionnelles (promoteurs, régulations, etc...) dans les régions non traduites des gènes (régions précurseurs et terminales qui encadrent, de part et d'autres le gène dans la séquence d'ARNm).

- L'optimisation des codons dans le gène sans altérer la séquence polypeptidique des acides aminés correspondants.

L'invention, qui s'articule en divers points successifs s'illustre pour chacun de ces points par des exemples et preuves choisis dans les régions codantes et non codantes de divers gènes (TGF beta1, bêtaglobine, interleukine etc...).

On prouvera en particulier la nature globale des fonctions de promotion et de régulation basée sur une interaction à longue distance entre régions non codantes (précurseur) et codantes (gène). La figure 3 démontre l'existence de cette interaction. Les principales revendications concernent l'optimisation de gènes en biotechnologie par contrôle global des régions non codantes et/ou codantes. Le résultat industriel est un meilleur rendement dans la production de protéines par génie génétique. Le résultat scientifique est un nouvel outil pour comprendre et localiser les méca-

nismes globaux: UN LANGAGE GLOBAL DE
L'EXPRESSION DES GENES.

FR 2 692 594 - A1



DESCRIPTION

1

Certains des concepts et procédés de base auxquels il est fait référence ci-dessous sont décrits dans un autre brevet déposé simultanément et intitulé "PROCEDE D'ANALYSE DE L'ORDRE GLOBAL DES SEQUENCES D'ADN/ARN".

- 5 La présente description s'articule en SEPT parties, chacune de ces parties s'appuie sur des exemples résultant, le plus souvent, d'expériences in-vitro publiées. dans chacune de ces sept parties, nous progressons successivement de la mise en évidence d'interactions globales entre régions non codantes et codantes
- 10 jusqu'à la caractérisation fine des indicateurs de notre procédé permettant de contrôler, réguler et optimiser l'expression des protéines considérées. Dans tous les cas la direction des régulations ou optimisations issues de notre procédé est coréllée et va dans la même direction que les résultats observés in-vitro.
- 15 Ces sept parties seront les suivantes:
- 1 - Preuve de l'existence d'un ordre global reliant les régions non exprimées et le gène effectif.
 - 2 - Evaluation prédictive de combinatoires entre régions codantes et non codantes.
 - 20 - 3 - Mise en évidence de l'effet à longue distance des sites promoteurs usuels (boite TATA, etc...).
 - 4 - Eléments de contrôle et de régulation macroscopiques.
 - 5 - Eléments de contrôle et de régulation fins.
 - 6 - "Langage global de contrôle et de régulation de l'expression
 - 25 des gènes".
 - 7 - Optimisation globale de la partie codante du gène.

PARTIE I:

PREUVES DE L'EXISTENCE D'UN ORDRE GLOBAL reliant les régions non traduites (précurseur 5' et terminal 3') et le gène (partie traduite. On considère l'ARNm complet du TGFbeta1 (figure 1). Pour simplifier: bien qu'il s'agisse d'ARNm, nous utilisons la lettre T (base T) alors que, normalement, s'agissant d'ARNm, nous aurions du utiliser la lettre U (base U). On va bâtir des sous-ensembles à partir de tout ou partie des 3 tronçons de séquences suivantes constituant l'ARNm:

- Le précurseur 5'.
- Le gène codant.
- Le terminal 3'.

- On va perturber cet enchainement naturel constituant le témoin.

- On va comparer les mesures d'ordre global entre le témoin et les situations dégénérées.

Parmi les dizaines d'expériences effectuées, toutes vont dans le même sens: TOUTES LES DEGRADATIONS DE SEQUENCES EXPLOREES DEGRADENT EGALEMENT LE NOMBRE ET LE VOLUME DES RESONANCES. Voici quatre de ces expériences les plus significatives.

La figure 2 schématise les combinatoires de tronçons relatives à chacune de ces 4 expériences.

Première PREUVE: perturbation par retournement (antisens) du tronçon précurseur - figure 2 (1) -

La totalité des résonances se divise en deux catégories: les résonances internes à chaque tronçon et les résonances à cheval entre deux tronçons. Les résonances étant pratiquement symétriques, à la nuance près que l'on ne recherche que le tiers des résonances partant des frontières de codons. Ainsi, du fait de cette quasi-symétrie, la perturbation ci-dessus va pratiquement

conserver toutes les résonances internes aux tronçons. Les résultats focaliseront donc les résonances sur les relations inter-tronçons, résonances auxquelles nous nous intéresserons désormais. On les détecte ainsi: il s'agit de résonances dont la base d'origine et la base d'extrémité se situent dans deux tronçons distincts.

La figure 3 présente les distributions des ces résonances pour le témoin - figure 3 (1) - et pour le cas perturbé (précurseur retourné) - figure 3 (2) - il s'agit, rappelons-le, de résonances situées "à-cheval" entre le précurseur et le gène.

On remarque que:

- le nombre des résonances est réduit dans un rapport de 3.
- Le volume des résonances (somme des longueurs) est réduit dans un rapport supérieur à 14.
- les très longues résonances (>1597) sont au nombre de 19 pour le témoin et inexistantes pour le perturbé (rappelons que le nombre réel de résonances est environ 3 fois supérieur et que ces longueurs couvrent plus de la moitié de la séquence, longue de 3378 bases).
- la plus longue résonance pour le cas perturbé est de 377, elle est donc précédée de 86 résonances de longueurs supérieures chez le témoin - figure 3 (3) et (4) -
- Enfin, la matrice de distribution des résonances par type et par base est plus consistante dans le cas du témoin et disparate dans le cas dégénéré - figure 3 (5) et (6) -

Seconde PREUVE: perturbation par modification des pseudo-codons du précurseur tout en respectant les contraintes du code génétique: Nous avons recherché un moyen moins brutal de perturbation du tronçon précurseur. Aussi, bien que les codons du précurseur

ne soient pas traduits selon la table du code génétique, une altération relativement légère consisterait à modifier au hasard ces codons en s'assurant que chacun d'entre eux continue de correspondre au même acide aminé après altération qu'avant altération. En clair, le précurseur réel et le précurseur perturbé produiraient, s'ils étaient traduits, strictement la même séquence polypeptidique d'acides aminés.

La figure 4 représente, de la même façon que ci-dessus, l'écart évident des nombres et volumes de résonances entre le témoin et la séquence relative au précurseur perturbé.

- le nombre des résonances est réduit dans un rapport de 27%.
- le volume des résonances est réduit dans un rapport de 3.4.
- les très longues résonances (>1597) sont au nombre de 19 pour le témoin et inexistantes pour la séquence perturbée.
- de manière générale, bien que franches, les différences sont plus atténuées que dans le cas de la perturbation première.

Troisième PREUVE: région terminale remplacée par une seconde copie du gène - figure 2 (4) - Désormais, après nous être limités au couple précurseur-gène, nous allons étendre l'étude au triplet précurseur-gène-terminal. Remplacer la région terminale par une perturbation, fût-elle la recopie du gène lui-même, constitue une perturbation forte. La figure 5 détaille ces résultats.

Comme nous le montrons dans le brevet "PROCEDE D'ANALYSE DE L'ORDRE GLOBAL DES SEQUENCES D'ADN", le fait de dupliquer la région codante du gène renforce les résonances de type FFF et LLL tandis que les résonances LFF (dont nous allons démontrer le rôle majeur de contrôle et de régulation) disparaissent dès que l'on supprime la région terminale.

Quatrième PREUVE: substitutions réciproques des tronçons précurseurs et terminales - figure 2 (5) - Nous remplaçons la séquence précurseur-gène-terminal par la séquence perturbée terminal-gène-précurseur. En d'autres termes, le nouveau

5 promoteur devient le terminal originel tandis que le nouveau terminal devient le promoteur originel. La figure 6 détaille ces résultats. La perturbation a pour effet de réduire les très grandes résonances (LUCAS en particulier).

En conclusion:

10 LES INTERACTIONS ENTRE REGIONS CODANTES ET NON CODANTES SONT DETRUITES DES QUE L'ON PERTURBE LES TRONCONS DE GENES CORRESPONDANTS.

LES OPERATEURS D'ANALYSE DE L'ORDRE GLOBAL DES GENES MESURENT LE SENS ET LA DIRECTION DE CETTE PERTURBATION.

PARTIE II: EVALUATION PREDICTIVE DE COMBINAISONS ENTRE REGIONS
CODANTES ET NON CODANTES:

LE PROCEDE ILLUSTRÉ ICI SERA: il est possible de simuler l'impact
qui résulterait de différentes combinaisons entre diverses régions
précurseur, diverses régions codantes et diverses régions
5 terminales. Cela permet d'évaluer, avant d'effectuer les travaux
in-vitro correspondants, quel serait l'impact de ces combinaisons.
Nous illustrerons cette combinatoire à partir de la BETAGLOBINE.
Nous disposons (figure 7) des TROIS tronçons respectifs des:

- précurseur.
- 10 - gène (région traduite).
- terminal.

correspondant aux DEUX bêtaglobines respectives:

- de l'homme.
- du lapin.

15 On remarque (figure 8) les différences importantes entre ces deux
gènes, en particulier (*) dans la région terminale il y a, chez
l'homme une longue insertion de séquence, inexistante chez le
lapin. Nous avons simulé l'impact de QUATRE parmi les HUIT (2×3)
combinaisons possibles:

- 20 - précurseur HOMME + gène HOMME + terminal HOMME (fig 10-1).
- précurseur LAPIN + gène LAPIN + terminal LAPIN (fig 10-1).
- précurseur HOMME + gène LAPIN + terminal HOMME (fig 10-1).
- précurseur LAPIN + gène HOMME + terminal LAPIN (fig 10-2).

Les résultats considèrent toutes les résonances à cheval entre

25 le précurseur et le gène (dont l'origine est dans le précurseur et
l'extrémité dans le gène ou dans le terminal) dans la figure 10,
et celles à cheval entre gène et terminal dans la figure 11.

Contrairement à la partie I, les combinaisons semblent ici VIABLES.

PARTIE III: MISE EN EVIDENCE DE L'EFFET A LONGUE DISTANCE DE
PROMOTEURS USUELS ("boites TATA, CAAT" etc...).

LE PROCEDE ILLUSTRÉ ICI SERA: Contrairement à l'état de l'art, où
l'on ne considère ces promoteurs (figure 12) que sur un plan

5 ANALYTIQUE et LOCAL, nous démontrons que ces promoteurs ont un
impact TRES SENSIBLE et A LONGUE DISTANCE dans les relations entre
régions codantes et non codantes. Ils contrôlent L'EXPRESSION DES
GENES non à des niveaux locaux et positionnels mais à des niveaux
plus globaux et flous (le terme flou signifie ici que la position
10 -25 à -30 par exemple pour TATA n'est pas une règle stricte). Du
reste, certains gènes ne possèdent pas des promoteurs si explicites.
Nous savons MESURER l'impact global de tels promoteurs.

Pour cela, nous étudierons les 2 gènes GMCSF chez l'HOMME et chez
la SOURIS (figure 13). Nous ALTERONS la boîte TATA par différentes
15 mutations dont nous mesurons l'effet au niveau de l'ordre global
des gènes (ces mutations identiques à celles de la partie VI).

La figure 14 montre comment la suppression de la boîte TATA altère
fortement les résonances, mais, exclusivement celles de type LFF.
Nous montrerons plus loin que c'est précisément ce type de
20 résonances LFF qui contrôle l'expression.

La figure 14 (14-2 et 14-3) continue de démontrer l'extrême
sensibilité pour de petites mutations de la boîte TATA.

L'analyse fine des figures 14 et 15) met en évidence:

- 25 - L'hyper-sensibilité des résonances aux altérations de cette
région TATA.
- L'invariance de certains types de résonances malgré ces
altérations.
- Le début de mise en évidence d'éléments de LANGAGE de CONTROLE
de l'expression des gènes.

PARTIE IV: ELEMENTS DE CONTROLE ET DE REGULATION MACROSCOPIQUES:

LE PROCEDE ILLUSTRE ICI SERA: Nous savons MESURER et CONTROLER, en termes de résonance, l'impact global des régions PROMOTEUR et de REGULATION POSITIVES ET NEGATIVES. Ces résultats sont CORELLES

5 avec les expériences in-vitro de mutagénèse de ces régions conduites préalablement, et indépendamment de notre découverte. Quand on sait que ces régions de régulation contrôlent directement les RENDEMENTS dans L'EXPRESSION DES PROTEINES, la maîtrise informationnelle de ces paramètres permet donc d'industrialiser
10 ce procédé au niveau opérationnel de la production BIOTECHNOLOGIQUE.

Nous expérimenterons à partir d'un gène très riche sous ces aspects de régulation: le TGF BETA1 (références THE JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY vol 264 numeros 1, 12 et 22:

"Characterization of the promoter region of human TGF BETA1 gene".

15 "Promoter sequence of the human TGF BETA1 gene responsive to TGF BETA1 autoinduction".

"Activation of the second promoter of the TGF BETA1 gene by TGF BETA1 and Phorbol Ester occurs through the same target sequences".

20 Dans ces articles, les biologistes ont (grossièrement) localisés "l'enhancer" (activateur), deux régions de régulation négatives, et une région de régulation positive (voir leur localisation dans la figure 16). Pour cela, ils ont assemblé un gène chimère expérimental composé des 1373 premières bases du promoteur (qui en
25 comporte 2202) suivies du "vecteur d'expression" CAT ("chloramphenicol acetyltransferase").

La séquence complète du TGF BETA1 (figure 16) est accessible dans la banque de données de gènes GENBANK sous les points d'accès J04431 et HUMTGFB.TGFB. Bien que les expériences des biologistes

n'aient été faites qu'avec ce vecteur CAT et non avec le gène complet du TGF, nous avons, pour notre part, validé les influences des différentes régions de contrôle ala fois sur le TGF BETA1 complet (les résultats ci-dessous) et sur le gène chimère

5 "précurseur TGF tronqué" + CAT. Les résultats sont assez bien corellés entre eux mais, surtout, les "sens" de régulation positive ou négative sont décelés par notre procédé). Enfin, et surtout, ces résultats sont corellés avec ceux des expériences in-vitro des biologistes ayant consisté à supprimer certaines régions.

10 La figure 17 détaille une partie des résultats (résonances traversant la jonction précurseur-gène pur la séquence complète du TGF (précurseur + gène + terminal).

La figure 18 mesure les résonances traversant la jonction gène-terminal). On notera la grande sensibilité des résonances LFF sur la base G (repérées par les types 3 4). Nous verrons dans la partie
15 partie VI le rôle de contrôle du sens de la régulation (+/-) joué par cette résonance 3 4.

La figure 19, qui recense TOUTES les résonances met en évidence sur le type 3 4 le sens de la régulation:

- 20 - passage de 92126 à 91690 si régulation N1- supprimée (fig 19-1).
- passage de 92126 à 85131 si "enhancer" supprimé (fig 19-1 19-2).
- passage de 92126 à 80829 si régulation N2- supprimée (fig 19-2).
- passage de 92126 à 101383 si régulation P+ supprimée (fig 19-3).

Paradoxalement, donc, une réduction de la séquence de 129 bases
25 de la région P+ (soit 3 %) provoque une augmentation des volumes de résonance 3 4 (LFF G) de 10%.

Des analyses plus fines ont de plus permis de localiser dans la séquence les positions de ces longues résonances de régulation. Nous noterons cependant l'aspect assez grossier de ces régions.

PARTIE 5: ELEMENTS DE CONTROLE ET DE REGULATION FINS:

LE PROCEDE ILLUSTRÉ ICI SERA: le même que précédemment mais nous agissons maintenant sur un autre gène (bêtaglobine) dont la localisation des régions de régulation est connue de manière plus

5 FINE que dans la partie IV. Ici encore, nos résultats seront corellés:

- avec les résultats des biologistes.
- avec les résultats établis dans la partie IV.

La séquence complète de la bêtaglobine a déjà été présentée dans

10 la partie II (figure 7). La figure 21 localise avec précision CINQ régions de régulation négative (N1 à N5) et UNE région de régulation positive (P). Différentes mutations ayant été expérimentées pour chacune de ces régions c'est au total QUINZE gènes que nous allons étudier: le gène témoin, le gène à région

15 P+ mutée, le gène où les cinq régions négatives sont mutées (noté N1 dans les figures de simulations), onze mutations élémentaires négatives: notées Nij (exp N11) avec i le niveau de mutation ponctuelle (figure 21) et j le numéro de la mutation (1 à 5). Enfin, nous rajouterons un gène mutant hybride d'autres

20 bêtaglobines non humaines.

Dans la figure 22, nous étudions les résonances à cheval sur la région CCAAT. L'analyse fine des résonances 3 4 (LFF G) mais aussi 3 3 (LFF A) respecte assez bien l'ordre positif - témoin - négatif. La mutation de la région de régulation P+ (une seule base

25 mutée) conduit à la plus forte valeur: 2489 (parmi 14 cas étudiés) en 3 4 (LFF G) et à la plus faible valeur: 984 en 3 3 (LFF A). Voir repère fig 22-2. Fig 22-5, le gène "étranger" se remarque. La figure 23 détaille les résonances traversant la jonction précurseur-gène (base 150) pour trois cas: les 5 régions N1-

mutées, le gène témoin, et la région p+ mutée: on y constate (fig 23-1) la hiérarchisation, dès le début du précurseur entre les grandes résonances 3 4 (LFF G) de longueurs 199 et 123, hiérarchisation très prononcée selon l'ordre P+ > témoin > N1-.

5 Dans la figure 24 nous avons trié les résonance par ordre décroissant, ce qui illustre encore la même hiérarchisation entre les trois cas.

Dans la figure 25, nous étudions la sensibilité à un décalage de la région P+ plus loin dans le précurseur (en base 107, soit
10 AU-DELA du site "CAP" (voir figure 21). D'après notre évaluation des mécanismes de régulation, nous pensions ainsi conserver et maintenir la régulation positive; c'est effectivement ce qui se produit (gène noté GLOFULP3 dans la figure 25). La figure 26 détaille et compare la mutation P+, le témoin, et la nouvelle
15 mutation positive (déplacée) "GLOFULP3".

PARTIE VI: "LANGAGE GLOBAL DE CONTROLE ET DE REGULATION DE L'EXPRESSION DES GENES":

LE PROCEDE ILLUSTRE ICI SERA: Un message de type binaire apparaît
20 en particulier pour les résonances 3 1 (LFF T), l'absence, ou la présence, alternées de telles résonances autour de l'ensemble TATA délimite à un niveau plus élevé que TATA les notions de précurseur. En effet, si (figure 27), on montre cote-à-cote l'ensemble des résonances 3 1 (LFF T) pour la BETAGLOBINE (à gauche) et pour le
25 TGF BETA1 (avec vecteur CAT) à droite: on observe des séquences successives et très nettes de régions contigues riches en 3 1 ou, au contraire, totalement dépourvues de 3 1.

Précisément, dans la BETAGLOBINE, la région TATA-CAP est riche en 3 1 (promoteur) tandis qu'elle est bordée, en amont et en aval, de

régions dépourvues de 3 1. Rappelons, pour le TGF BETA1 que la mutation relative à l'enhancer a été très grossière. On peut suggérer d'y rechercher l'enhancer réel plutôt en début de la grande région enhancer (de 400 bases) approximativement localisée
5 par les biologistes.

PARTIE VII: OPTIMISATION GLOBALE DE LA PARTIE CODANTE D'UN GENE:
LE PROCÉDE ILLUSTRE ICI SERA: L'ordre global des gènes permet
D'OPTIMISER l'expression d'un gène en altérant les codons du gène
10 de manière à conserver les mêmes acides aminés et à accroître
l'ordre global observé par nos opérateurs.

Le procédé fin est le suivant:

- 1) Observer l'ordre global du gène réel (avec ou sans ses régions précurseur et terminales.
- 15 2) Fabriquer de nombreux gènes "synonymes" (une centaine ou des milliers) en altérant au hasard (ou suivant le "codon usage") chaque codon en l'obligeant à produire le même acide aminé. On obtient donc, par exemple 100 gènes qui conduisent TOUS à la même séquence polypeptidique d'acides aminés.
- 20 3) De ces multiples simulations, on obtient un profil moyen des résonances (tables 4 x 8 donnant nombres et volumes de résonances par types et par bases).
- 4) Parmi tous ces gènes on retiendra celui ou ceux:
 - qui entrent dans le profil moyen.
 - 25 - dont la matrice 4x4 est la plus "saillante" et contrastée (valeurs soit très fortes soit très faibles). On a établi en effet que cette propriété caractérise les gènes réels vis-à-vis de gènes bruités selon le procédé ci dessus (voir J,C PEREZ "Chaos, DNA and Neuro-computers: a golden

link" in SPECULATIONS IN SCIENCE AND TECHNOLOGY October 1991 U.K).

- qui, si l'on considère les interactions gène/précurseur et gène/terminal, maximisent les paramètres de régulation et d'activation étudiés ci-dessus.

Ce procédé permet donc de contrôler et optimiser l'expression des gènes en agissant indépendamment ou simultanément sur les parties codantes et non codantes.

Nous avons expérimenté la méthode sur de nombreux gènes

- (Interférons, facteur nécrosant des tumeurs etc...). Nous démontrerons l'efficacité de la méthode sur les 2 gènes d'expression de l'INTERLEUKINE-6: les gènes PT911 et PT13SNCO (figures 28 et 29). Précisément, la figure 28 s'appuie sur un article qui a vérifié que le type d'altération que nous préconisons n'altérerait pas (dans l'absolu) l'expression de la protéine (nous pensons qu'il altère très certainement le rendement).

PT911 est donc le vrai gène de référence (réel).

PT13SNCO est le gène dégradé selon le code génétique.

- La figure 30 démontre que cette dégradation aveugle faite par le biologiste a BRISÉ l'ordre à grande distance qui contrôlait tant le gène seul que le gène dans son environnement (régions non codantes).

- Par exemple (fig 30-1), la mutation divise le nombre des résonances par 3.3 et le volume des résonances par 5.3 (au niveau des résonances à cheval entre précurseur et gène).

D'autres combinaisons entre précurseurs et parties codantes respectives des deux gènes vont dans la même direction (fig 30-3 et fig 30-5). Le repère 30-7 analyse et détaille la totalité des

résonances.

Soit, le gène réel est très supérieur au gène dégradé...

Saurons-nous optimiser ce gène réel et proposer un gène plus optimal, conduisant donc, très probablement, à une EXPRESSION

5 ACCRUE DE LA PROTEINE ?

C'est l'objet de la figure 31, qui ne repose que sur 100

simulations de gènes chimères synonymes. Nous proposons un gène optimal (fig 31-2). Sa distribution de résonances apparaît très supérieure à celle de PT911. La figure 32 compare les résonances

10 entre les trois gènes:

- le gène dégénéré PT13SNCO (à gauche).
- Le gène réel PT911 (au centre).
- Le gène optimisé OPTI1 (à droite).

La force de cette dernière figure servira de conclusion à ce brevet.

15

A

FIGURES	REPÈRES	NUMEROS DE PAGE	LIBELLE
1	1-1, 1-2 1-3, 1-4	1 2	TGFBeta 1 - Détail des Séquences
2		3	TGF Beta 1 - Schéma des 4 perturbations
3	3-1, 3-2, 3-3,	4 5 6	TGF Beta 1 - Perturbation par inversion du Précurseur
4	4-1, 4-2, 4-3-	7 8 9	TGF Beta 1 : perturbation du Précurseur par flux du Code génétique
5		10	TGF Beta 1 Perturbation du Terminal par duplication du gène
6		11	TGF Beta 1 Perturbation du gène par substitution réciproque entre les Régions 3' et 5'
7		12	Bêta-globine humaine : Séquences -
8		12	Bêta-globine du lapin : séquences -
9		13	" " : Différences entre séquences de la Bêta globine humaine et celle du lapin
10	10-1, 10-2.	14 15	Bêta globine : Homme versus lapin : Analyse Comparative - Cumuls -
11	11-1, 11-2.	15 16	Bêta-globine : Homme Versus lapin : Analyse Comparative des points gène/Terminal
12		17	Mécanisme de fonctionnement des promoteurs (et après l'état de l'actuel)
13		18	Gènes GMSF Homme } Séquences GMSF Souris }
14	14-1 14-2 14-3, 14-4 14-5, 14-6	19 20 21-22 23-24	Gènes GMSF : Influence globales des mutations sur la "Boîte TATA" (Fonction Précurseur/gène -).

FIGURES	REPERES	NUMEROS DE PAGE	LIBELLE
15	15-1, 15-2 15-3, 15-4 15-5, 15-6	25 26-27 28	gènes GMCSF: Influence globale de mutations sur la "Boîte TATA" (jonction gène / terminal) —
16	16-1	29	TGF Beta 1 gène complet —
17	17-1 17-2 17-3, 17-4 17-5/6/7/8/9 17-10/11/12	30 31 32-33 34-35/36-37-38 39-40-41	TGF Beta 1 : Ponto Précurseur / gène
18	18-1 à 18-11	42 à 52	TGF Beta 1 : Ponto gène / terminal —
19	19-1, 2, 3	53, 54, 55	TGF Beta 1 : Toutes Résonances Synthèse des Mutations
20		55	Bétaglobine Séquences - Détail
21		56	// Mutations : Détail
22	22-1/2/3/4/5	57 à 61	// Ponto & Résonances autour de la "Boîte CCAAT"
23	23-1/23-2	62-63	// Influence Mutations dans Régions de Régulation
24	24-1, 24-2	64-65	id —
25		66	Bétaglobine : Déplacement Région de Régulation positive —
26	26-1, 26-2	67-68	// Comparaison Régulations
27	27-1/2/3	69-70-71	TGF Beta et TGF Cat : Comparaison
28		72-73	PT 13 SNCO : Séquence
29		74	PT 911 : Séquence
30	30-1 à 30-12	pages 74 à 85	PT 13 SNCO FUL / PT 911 FUL : analyse comparée —
31	31-1 + 31-2	86 + 87	Recherche gène "optimum"
32	32-1 à 32-6	88 à 93	Comparaisons PT 13 SNCO FUL à PT 911 et au "gène Optimal" —

REVENDECATIONS

17

- 1) La revendication principale concerne toute utilisation scientifique, industrielle, thérapeutique, des éléments du procédé d'optimisation de L'EXPRESSION DES GENES par action sur les régions codantes ou non codantes.
- 5 Les revendications secondaires concernent:
 - 2) Toute utilisation du procédé visant à améliorer non l'expression des gènes (rendements) mais les FONCTIONALITES des protéines (ne serait-ce, paradoxalement, que par des mutations de codons synonymes sur la seule partie traduite du gène, tel que
10 cela est décrit dans la partie VII de la description.
 - 3) Toute utilisation qui reposerait sur une méthode dérivée de l'ordre global des gènes (dans l'esprit des revendications du
brevet "PROCEDE D'ANALYSE DE L'ORDRE GLOBAL DES SEAUENCES D'ADN
ET D'ARN".
 - 15 4) Toute utilisation des applications précises décrites à des fins industrielles (sang artificiel, gènes chimères, bio-matériaux), ou thérapies géniques (cancer, SIDA, maladies génétiques, etc...).
 - 5) Toute utilisation de l'optimisation au titre "d'amorce de gènes" (sondes nucléiques).

Figure 1

26925941

TGFBETA1 REGION PRECURSEUR (2202 BASES)...

1	GGATCCTTAG	CAGGGGAGTA	ACATGGATTT	GGAAAGATCA	CTTTGGCTGC
51	TGTGTGGGGA	TAGATAAGAC	GGTGGGAGCC	TAGAAAGGAG	GCTGGGTTGG
101	AAACTCTGGG	ACAGAAACCC	AGAGAGGAAA	AGACTGGGCC	TGGGGTCTCC
151	AGTGAGTATC	AGGGAGTGGG	GAATCAGCAG	GAGTCTGGTC	CCCACCCATC
201	CCTCCTTTCC	CCTCTCTCTC	CTTTCCTGCA	GGCTGGCCCC	GGCTCCATTT
251	CCAGGTGTGG	TCCCAGGACA	GCTTTGGCCG	CTGCCAGCTT	GCAGGCTATG
301	GATTTTGCCA	TGTGCCCAGT	AGCCCGGGCA	CCCACCAGCT	GGCCTGCCCC
351	ACGTGGCGGC	CCCTGGGCAG	TTGGCGAGAA	CAGTTGGCAC	GGGCTTTCGT
401	GGGTGGTGGG	CCGCAGCTGC	TGCATGGGGA	CACCATCTAC	AGTGGGGCCG
451	ACCCTATATC	CCTGCACACA	GCTGCTGGTG	GCACCGTGCA	CCTGGAGATC
501	GGCCTGCTGC	TCCGCAACTT	CGACCGCTAC	GGCGTGGAGT	GCTGAGGGAC
551	TCTGCCTCCA	ACGTCACCAC	CATCCACACC	CCGGACACCC	AGTGATGGGG
601	GAGGATGGCA	CAGTGGTCAA	GAGCACAGAC	TCTAGAGACT	GTCAGAGCTG
651	ACCCAGCTA	AGGCATGGCA	CCGCTTCTGT	CCTTTCTAGG	ACCTCGGGGT
701	CCCTCTGGGC	CCAGTTTCCC	TATCTGTAAA	TTGGGGACAG	TAAATGTATG
751	GGGTGCGAGG	GTGTTGAGTG	ACAGGAGGCT	GCTTAGCCAC	ATGGGAGGTG
801	CTCAGTAAAG	GAGAGCAATT	CTTACAGGTG	TCTGCCTCCT	GACCTTTCCA
851	TCCCTCAGGT	GTCCTGTTGC	CCCCTCCTCC	CACTGACACC	CTCCGGAGGC
901	CCCCATGTTG	ACAGACCCTC	CTTCTCCTAC	CTTGTTTCCC	AGCCTGACTC
951	TCCTTCCGTT	CTGGGTCCCC	CTCCTCTGGT	CGGCTCCCCT	GTGTCTCATC
1001	CCCCGGATTA	AGCCTTCTCC	GCCTGGTCCT	CTTTCTCTGG	TGACCCACAC
1051	CGCCCGCAA	GCCACAGCGC	ATCTGGATCA	CCCGCTTTGG	TGGCGCTTGG
1101	CCGCCAGGAG	GCAGCACCTT	GTTTGCGGGG	CGGAGCCGGG	GAGCCCGCCC
1151	CCTTTCCCCC	AGGGCTGAAG	GGACCCCTCT	CGGAGCCCGC	CCACGCGAGA

Fig 1-2

1201	TGAGGACGGT	GGCCAGCCCC	CCCCATGCCC	TCCCCCTGGG	GGCCGCCCCC
1251	GCTCCCGCCC	CGTGCGCTTC	CTGGGTGGGG	CCGGGGGCGG	CTTCAAAACC
1301	CCCTGCCGAC	CCAGCCGGTC	CCCGCCGCCG	CCGCCCTTCG	CGCCCTGGGC
1351	CATCTCCCTC	CCACCTCCCT	CCGCGGAGCA	GCCAGACAGC	GAGGGCCCCG
1401	GCCGGGGGCA	GGGGGGACGC	CCCGTCCGGG	GCACCCCCCC	GGCTCTGAGC
1451	CGCCCGCGGG	GCCGGCCTCG	GCCCGGAGCG	GAGGAAGGAG	TCGCGGAGGA
1501	GCAGCCTGAG	GCCCCAGAGT	CTGAGACGAG	CCGCCGCCGC	CCCCGCCACT
1551	GCGGGGAGGA	GGGGGAGGAG	GAGCGGGAGG	AGGGACGAGC	TGGTCGGGAG
1601	AAGAGGAAAA	AAACTTTTGA	GACTTTTCCG	TTGCCGCTGG	GAGCCGGAGG
1651	CGCGGGGACC	TCTTGGCGCG	ACGCTGCCCC	GCGAGGAGGC	AGGACTTGGG
1701	GACCCAGAC	CGCCTCCCTT	TGCCGCCGGG	GACGCTTGCT	CCCTCCCTGC
1751	CCCCTACACG	GCGTCCCTCA	GGCGCCCCCA	TTCCGGACCA	GCCCTCGGGA
1801	GTCGCGGACC	CGGCCTCCCG	CAAAGACTTT	TCCCCAGACC	TCGGGCGCAC
1851	CCCCTGCACG	CCGCCTTCAT	CCCCGGCCTG	TCTCCTGAGC	CCCCGCGCAT
1901	CCTAGACCCT	TTCTCCTCCA	GGAGACGGAT	CTCTCTCCGA	CCTGCCACAG
1951	ATCCCCTATT	CAAGACCACC	CACCTTCTGG	TACCAGATCG	CGCCCATCTA
2001	GGTTATTTCC	GTGGGATACT	GAGACACCCC	CGGTCCAAGC	CTCCCCCTCA
2051	CCACTGCGCC	CTTCTCCCTG	AGGAGCCTCA	GCTTTCCCTC	GAGGCCCTCC
2101	TACCTTTTGC	CGGGAGACCC	CCAGCCCCTG	CAGGGGCGGG	GCCTCCCCAC
2151	CACACCAGCC	CTGTTCGCGC	TCTCGGCAGT	GCCGGGGGGC	GCCGCCTCCC
2201	CC				
2251					

Fig 1-3

TGF β 1 REGION GENE TRADUITE...

1	ATGCCGCCCT	CCGGGCTGCG	GCTGCTGCCG	CTGCTGCTAC	CGCTGCTGTG
51	GCTACTGGTG	CTGACGCCTG	GCCCCGCCGGC	CGCGGGACTA	TCCACCTGCA
101	AGACTATCGA	CATGGAGCTG	GTGAAGCGGA	AGCGCATCGA	GGCCATCCGC
151	GGCCAGATCC	TGTCCAAGCT	GCGGCTCGCC	AGCCCCCGGA	GCCAGGGGGA
201	GGTGCCGCCC	GGCCCCGCTGC	CCGAGGCCGT	GCTCGCCCTG	TACAACAGCA
251	CCC CGACCG	GGTGGCCGGG	GAGAGTGCAG	AACCGGAGCC	CGAGCCTGAG
301	CCC GACTACT	ACGCCAAGGA	GGTCAACCCG	GTGCTAATGG	TGGAAACCCA
351	CAACGAAATC	TATGACAAGT	TCAAGCAGAG	TACACACAGC	ATATATATGT
401	TCTTCAACAC	ATCAGAGCTC	CGAGAAGCGG	TACCTGAACC	CGTGTTGCTC
451	TCCCGGGCAG	AGCTGCGTCT	GCTGAGGAGG	CTCAAGTTAA	AAGTGGAGCA
501	GCACGTGGAG	CTGTACCAGA	AATACAGCAA	CAATTCCCTGG	CGATACCTCA
551	GCAACCGGCT	GCTGGCACCC	AGCGACTCGC	CAGAGTGGTT	ATCTTTTGAT
601	GTCACCGGAG	TTGTGCGGCA	GTGGTTGAGC	CGTGGAGGGG	AAATTGAGGG
651	CTTTCCGCTT	AGCGCCCACT	GCTCCTGTGA	CAGCAGGGAT	AACACACTGC
701	AAGTGGACAT	CAACGGGTTC	ACTACCGGCC	GCCGAGGTGA	CCTGGCCACC
751	ATTCATGGCA	TGAACCGGCC	TTTCCTGCTT	CTCATGGCCA	CCCCGCTGGA
801	GAGGGCCCAG	CATCTGCAAA	GCTCCCGGCA	CCGCCGAGCC	CTGGACACCA
851	ACTATTGCTT	CAGCTCCACG	GAGAAGAACT	GCTGCGTGCG	GCAGCTGTAC
901	ATTGACTTCC	GCAAGGACCT	CGGCTGGAAG	TGGATCCACG	AGCCCAAGGG
951	CTACCATGCC	AACTTCTGCC	TCGGGCCCCTG	CCCCTACATT	TGGAGCCTGG
1001	ACACGCAGTA	CAGCAAGGTC	CTGGCCCTGT	ACAACCAGCA	TAACCCGGGC
1051	GCCTCGGCGG	CGCCGTGCTG	CGTGCCGCAG	GCGCTGGAGC	CGCTGCCCAT
1101	CGTGTACTION	GTGGGCGGCA	AGCCCAAGGT	GGAGCAGCTG	TCCAACATGA
1151	TCGTGCGCTC	CTGCAAGTGC	AGCTGA		
1201					

fig 1-4

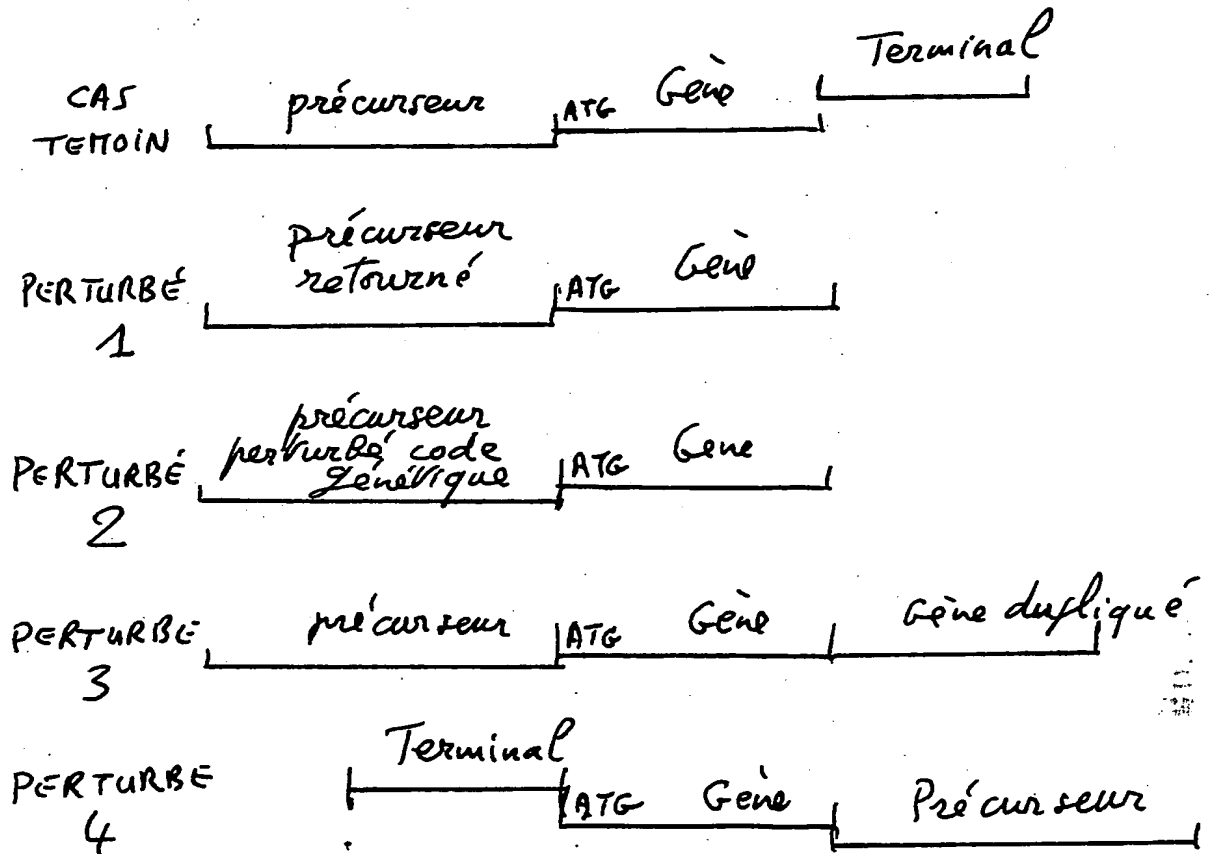
TGF β 1 REGION TERMINALE...

1	GGTCCC GCCC	GCCCCGCCCC	GCCCCGGCAG	GCCCCGGCCCC	ACCCCCCCCC
51	GCCCCCGCTG	CCTTGCCCCAT	GGGGGCTGTA	TTTAAFFACA	CCGTGCCCCA
101	AGCCCACCTG	GGGCCCCATT	AAAGATGGAG	AGAGGACTGC	GGATCTCTGT
151	GTCATTGGGC	GCCTGCCTGG	GGTCTCCATC	CCTGACGTTT	CCCCACTCCC
201	ACTCCCTCTC	TCTCCCTCTC	TGCCTCCTCC	TGCCTGTCTG	TACTATTCCCT
251	TTGCCC GCGA	TCAAGGCACA	GGGGACCAGT	GGGGAACACT	ACTGTAGTTA
301	GATCTATTTA	TTGAGCACCT	TGGGCACTGT	TGAAGTGCCT	TACATTAATG
351	AACTCATTCA	GTCACCATAG	CAACACTCTG	AGATGGCAGG	GACTCTGATA
401	ACACCCATTT	TAAAGGTTGA	GGAAACAAGC	CCAGAGAGGT	TAAGGGAGGA
451	GTTCTTGCCC	ACCAGGAACC	TGCTTTAGTG	GGGGATAGTG	AAGAAGACAA
501	TAAAAGATAG	TAGTTCAGGC	CAGGCGGGGT	GCTCACGCCT	GTAATCCTAG
551	CACTTTTG G	AGGCAGAGAT	GGGAGGATAC	TTGAATCCAG	GCATTTGAGA
601	CCAGCCTGGG	TAACATAGTG	AGACCTATC	TCTACAAAAC	ACTTTTAAAA
651	AATGTACACC	TGTGGTCCCA	GCTACTCTGG	AGGCTAAGGT	GGGAGGATCA
701	CTTGATCCTG	GGAGGTCAAG	GCTGCAG		
751					

Figure 2

2692594

Schéma des 4 perturbations entre
régions précurseur / gène / terminale de
TGF BETA 1



3

VISUALISE LES PONTS A CHEVAL SUR BASE 2203 (JOINT PRECURSEUR/GENE
 COMPARE (PRECURSEUR REEL + GENE REEL) ET (PRECURSEUR INVERSE + GENE)
 GENE REEL BILBOUTFBETA1

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55	89	144	233	377	610	987	1597
8	3	9	11	3	12	33	5

LUCAS...

47	76	199	322	521	843	1364	2207
5	2	4	13	5	9	8	14

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	20	0	1	0	11844	0	55
38	0	25	0	18507	0	23167	0
0	0	0	31	0	0	0	22913
0	25	0	4	0	34270	0	188

GENE PRECURSEUR INVERSE

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55	89	144	233	377
6	4	7	4	4

LUCAS...

47	76	123	199	322
8	2	4	4	5

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	6	0	2	0	576	0	233
6	3	8	0	1974	288	1063	0
1	10	2	0	47	2254	170	0
0	3	0	7	0	170	0	785

DETAIL RESONANCES PONTS

2149	2	1	55	2149	2	2	55
2152	2	1	55	2176	2	3	55
2155	2	1	55	2179	2	3	55
2164	2	1	55	2188	1	2	55
2170	2	1	55	2197	1	2	55
2173	1	4	55	2200	1	2	55
2179	2	1	55	2119	2	2	89
2182	2	1	55	2191	1	2	89
2140	2	1	89	2200	1	2	89
2143	2	1	89	2200	1	4	89
2146	2	1	89	2059	2	2	144
2086	2	1	144	2092	1	4	144
2092	2	1	144	2158	2	3	144
2101	2	1	144	2170	2	3	144
2107	2	1	144	2173	2	3	144
2113	2	1	144	2176	2	3	144
2182	1	2	144	2179	2	3	144
2185	1	2	144	2182	2	3	233
2188	1	2	144	2197	2	1	233
2191	1	2	144	2200	2	1	233
2110	2	1	233	2203	1	2	233
2113	2	1	233	2155	2	1	377
2173	2	1	233	2164	2	1	377
2176	2	1	233	2167	2	1	377
2179	2	1	233	2170	2	1	377

2188	2	1	233	2158	3	1	47
2191	2	1	233	2164	3	3	47
2194	2	1	233	2176	3	2	47
2200	1	2	233	2176	4	4	47
2200	2	1	233	2182	4	4	47
2203	1	2	233	2185	4	4	47
2083	2	1	377	2191	4	2	47
2146	2	3	377	2194	4	2	47
2158	1	2	377	2161	3	2	76
1600	2	3	610	2200	4	2	76
1879	2	3	610	2083	3	3	123
1882	2	3	610	2104	4	4	123
1888	2	3	610	2107	4	4	123
1975	1	2	610	2149	3	2	123
1978	1	2	610	2029	4	4	199
1984	1	2	610	2032	4	4	199
1987	1	2	610	2122	3	2	199
2014	1	2	610	2140	3	2	199
2017	1	2	610	1954	3	2	322
2020	1	2	610	1960	3	2	322
2023	1	2	610	1975	3	2	322
1264	2	1	987	1981	3	2	322
1267	2	1	987	2071	3	2	322
1279	2	1	987	0	0	0	0
1282	2	1	987	0	0	0	0
1306	2	1	987	0	0	0	0
1309	2	1	987	0	0	0	0
1351	2	3	987	0	0	0	0
1357	2	3	987	0	0	0	0
1360	2	1	987	0	0	0	0
1363	2	3	987	0	0	0	0
1366	2	1	987	0	0	0	0
1366	2	3	987	0	0	0	0
1369	2	1	987	0	0	0	0
1369	2	3	987	0	0	0	0
1375	2	1	987	0	0	0	0
1387	2	3	987	0	0	0	0
1405	2	3	987	0	0	0	0
1408	2	3	987	0	0	0	0
1411	2	3	987	0	0	0	0
1414	2	3	987	0	0	0	0
1417	2	3	987	0	0	0	0
1420	2	3	987	0	0	0	0
1423	2	3	987	0	0	0	0
1426	2	3	987	0	0	0	0
1429	2	3	987	0	0	0	0
1432	2	3	987	0	0	0	0
1441	2	3	987	0	0	0	0
1444	2	3	987	0	0	0	0
1447	2	3	987	0	0	0	0
1762	1	2	987	0	0	0	0
1765	1	2	987	0	0	0	0
1771	1	2	987	0	0	0	0
1774	1	2	987	0	0	0	0
955	2	1	1597	0	0	0	0
958	2	1	1597	0	0	0	0
982	2	3	1597	0	0	0	0
1195	2	1	1597	0	0	0	0
1222	1	2	1597	0	0	0	0
2173	4	4	47	0	0	0	0

Figure 4

2692594

fig 4-1

COMPARE (PRECURSEUR REEL + GENE REEL) ET (PRECURSEUR PERTURBE COD GEN)
 GENE REEL BILBOUTFBETA1

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55	89	144	233	377	610	987	1597
8	3	9	11	3	12	33	5

LUCAS...

47	76	199	322	521	843	1364	2207
5	2	4	13	5	9	8	14

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	20	0	1	0	11844	0	55
38	0	25	0	18507	0	23167	0
0	0	0	31	0	0	0	22913
0	25	0	4	0	34270	0	188

GENE PRECURSEUR PERTURBE CODE GEN.

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55	89	144	233	377
4	10	14	15	16

LUCAS...

47	76	123	199	322	521	843	1364
5	6	8	9	3	1	8	6

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	30	0	0	0	4380	0	0
11	0	18	0	3283	0	4990	0
2	0	0	22	94	0	0	16538
0	22	0	0	0	3249	0	0

DETAIL RESONANCES PONTS

2149	2	1	55	2149	1	2	55
2152	2	1	55	2152	1	2	55
2155	2	1	55	2158	1	2	55
2164	2	1	55	2164	1	2	55
2170	2	1	55	2119	2	3	89
2173	1	4	55	2122	2	3	89
2179	2	1	55	2137	1	2	89
2182	2	1	55	2155	1	2	89
2140	2	1	89	2158	1	2	89
2143	2	1	89	2167	1	2	89
2146	2	1	89	2170	1	2	89
2086	2	1	144	2173	1	2	89
2092	2	1	144	2182	1	2	89
2101	2	1	144	2185	1	2	89
2107	2	1	144	2059	2	3	144
2113	2	1	144	2062	2	3	144
2182	1	2	144	2074	1	2	144
2185	1	2	144	2077	1	2	144
2188	1	2	144	2086	1	2	144
2191	1	2	144	2089	1	2	144
2110	2	1	233	2137	1	2	144
2113	2	1	233	2155	1	2	144
2173	2	1	233	2158	1	2	144
2176	2	1	233	2167	1	2	144
2179	2	1	233	2170	1	2	144
2188	2	1	233	2173	1	2	144

Incidence
de la
perturbation

7

fig 4-2

2191	2	1	233	2191	2	3	144
2194	2	1	233	2194	2	3	144
2200	1	2	233	2017	2	3	233
2200	2	1	233	2047	1	2	233
2203	1	2	233	2056	1	2	233
2083	2	1	377	2065	1	2	233
2146	2	3	377	2080	1	2	233
2158	1	2	377	2116	2	3	233
1600	2	3	610	2182	2	1	233
1879	2	3	610	2185	2	1	233
1882	2	3	610	2188	1	2	233
1888	2	3	610	2188	2	1	233
1975	1	2	610	2191	2	1	233
1978	1	2	610	2194	2	1	233
1984	1	2	610	2200	1	2	233
1987	1	2	610	2200	2	1	233
2014	1	2	610	2203	1	2	233
2017	1	2	610	2041	2	3	377
2020	1	2	610	2086	1	2	377
2023	1	2	610	2113	2	3	377
1264	2	1	987	2116	2	3	377
1267	2	1	987	2119	2	3	377
1279	2	1	987	2122	2	3	377
1282	2	1	987	2125	2	3	377
1306	2	1	987	2131	2	3	377
1309	2	1	987	2134	2	3	377
1351	2	3	987	2137	2	3	377
1357	2	3	987	2146	2	1	377
1360	2	1	987	2149	2	1	377
1363	2	3	987	2152	2	1	377
1366	2	1	987	2155	2	1	377
1366	2	3	987	2158	2	3	377
1369	2	1	987	2167	2	1	377
1369	2	3	987	2158	3	1	47
1375	2	1	987	2161	3	1	47
1387	2	3	987	2164	3	4	47
1405	2	3	987	2164	4	2	47
1408	2	3	987	2194	3	4	47
1411	2	3	987	2134	3	4	76
1414	2	3	987	2146	3	4	76
1417	2	3	987	2155	4	2	76
1420	2	3	987	2158	4	2	76
1423	2	3	987	2164	4	2	76
1426	2	3	987	2185	4	2	76
1429	2	3	987	2116	4	2	123
1432	2	3	987	2119	4	2	123
1441	2	3	987	2140	4	2	123
1444	2	3	987	2146	4	2	123
1447	2	3	987	2149	4	2	123
1762	1	2	987	2152	4	2	123
1765	1	2	987	2164	4	2	123
1771	1	2	987	2170	4	2	123
1774	1	2	987	2026	4	2	199
955	2	1	1597	2032	4	2	199
958	2	1	1597	2035	4	2	199
982	2	3	1597	2038	4	2	199
1195	2	1	1597	2041	4	2	199
1222	1	2	1597	2053	4	2	199
2173	4	4	47	2056	4	2	199
2176	4	4	47	2080	3	4	199

8

Figure 5

IMPACT DU REMPLACEMENT DE LA REGION TERMINALE PAR UNE
 DUPLICATION DU GENE...
 RESONANCES A CHEVAL ENTRE GENE ET TERMINAL
CAS REEL (GENE+TERMINAL)

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...
 FIBO...

55 89 144 233 377 610 2584
 6 3 15 13 24 3 1

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207
 8 8 5 8 4 9 7 3 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	29	0	0	0	11954	0	0
23	0	13	0	5299	0	1995	0
0	2	0	35	0	123	0	15420
0	16	0	0	0	5825	0	0

CAS PERTURBE (GENE+GENE)

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55 89 144 233 377 610 987 1597
 3 10 8 7 18 13 11 11

LUCAS

76 123 199 322 521 1364
 4 10 3 5 14 5

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	18	0	13	0	7964	0	3482
12	0	38	0	9205	0	26327	0
0	3	0	0	0	521	0	0
0	28	0	10	0	15373	0	1961

Disparition des
indicateurs de
contrôle LFF

Figure 6

TGF BETA1 complet

FIBO...	55	89	144	233	377	610	987	1597	2584		
464	286	146	86	83	36	50		15	1		
LUCAS	47	76	123	199	322	521	843	1364	2207		
490	298	220	130	81	48	29		16	15		

(1) $50 + 16 + 1 = 67$ \rightarrow 127 grandes résonance

(1) $29 + 16 + 15 = 60$

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

1 222 18 116 55 51545 1126 12015
 336 36 394 45 60316 2799 92102 2815
 161 186 144 402 14503 19531 13523 92126
 4 273 16 145 188 77044 839 11616

PRINTANALYSE BETA1 35TGF BETA1

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...	55	89	144	233	377	610	987	1597		
457	287	131	70	59	21	17		11		
LUCAS	47	76	123	199	322	521	843	1364		
487	296	227	133	71	47	26		5		

(2) $17 + 11 = 28$ \rightarrow 59 grandes résonance

(2) $26 + 5 = 31$

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

1 178 18 119 55 28734 1126 12214
 281 43 368 45 38196 3574 68537 2815
 161 227 153 348 14503 38001 15162 57762
 4 234 16 153 188 37043 839 12658

figure 7

BETAGLOBINE HOMME. PRECURSEUR...

1 | ACATTTGCTT CTGACACAAC TGTGTTCCT AGCAACCTCA AACAGACACC
 51 |
 101 |

BETAGLOBINE HOMME. GENE...

1 | ATGGTGCACC TGA CTCTGA GGAGAAGTCT GCGGTACTG CCCTGTGGGG
 51 | CAAGGTGAAC GTGGATGAAG TTGGTGGTGA GGCCCTGGGC AGGCTGCTGG
 101 | TGGTCTACCC TTGGACCCAG AGGTTCTTTG AGTCCTTTGG GGATCTGTCC
 151 | ACTCCTGATG CAGTTATGGG CAACCCTAAG GTGAAGGCTC ATGGCAAGAA
 201 | AGTGCTCGGT GCCTTTAGTG ATGGCCTGGC TCACCTGGAC AACCTCAAGG
 251 | GCACCTTTGC CACACTGAGT GAGCTGCACT GTGACAAGCT GCACGTGGAT
 301 | CCTGAGAACT TCAGGCTCCT GGGCAACGTG CTGGTCTGTG TGCTGGCCCA
 351 | TCACTTTGGC AAAGAATTCA CCCCACCAGT GCAGGCTGCC TATCAGAAAG
 401 | TGGTGGCTGG TGTGGCTAAT GCCCTGGCCC ACAAGTATCA CTAA
 451 |

BETAGLOBINE HOMME. TERMINAL...

1 | GCTCGCTTTC TTGCTGTCCA ATTTCTATTA AAGGTCCTT TGTTCCTAA
 51 | GTCCAACCTAC TAAACTGGGG GATATTATGA AGGCCTTGA GCATCTGGAT
 101 | TCTGCCTAAT AAAAAACATT TATTTTCATT GC
 151 |

Figure 8

BETAGLOBINE LAPIN. PRECURSEUR...

1 | ACACTTGCTT TTGACACAAC TGTGTTTACT TGCAATCCCC CAAAACAGAC
 51 | AGA
 101 |

BETAGLOBINE LAPIN. GENE...

1 | ATGGTGCATC TGTCCAGTGA GGAGAAGTCT GCGGTCACTG CCCTGTGGGG
 51 | CAAGGTGAAT GTGGATGAAG TTGGTGGTGA GGCCCTGGGC AGGCTGCTGG
 101 | TTGTCTACCC ATGGACCCAG AGGTTCTTAG AGTCCTTTGG GGACCTGTCC
 151 | TCTGCAAATG CTGTTATGAA CAATCCTAAG GTGAAGGCTC ATGGCAAGAA
 201 | GGTGCTGGCT GCCTTCAGTG AGGGTCTGAG TCACCTGGAC AACCTCAAAG
 251 | GCACCTTTGC TAAGCTGAGT GAACTGCACT GTGACAAGCT GCACGTGGAT
 301 | CCTGAGAACT TCAGGCTCCT GGGCAACGTG CTGGTTATTG TGCTGTCTCA
 351 | TCATTTTGGC AAAGAATTCA CTCCTCAGGT GCAGGCTGCC TATCAGAAGG
 401 | TGGTGGCTGG TGTGGCCAAT GCCCTGGCTC ACAAATACCA CTGA
 451 |

BETAGLOBINE LAPIN. TERMINAL...

1 | GATCTTTTTT CCTCTGCCAA AAATTATGGG GACATCATGA AGCCCCTTGA
 51 | GCATCTGACT TCTGGCTAAT AAAGGAAATT TATTTTCATT GC
 101 |

12

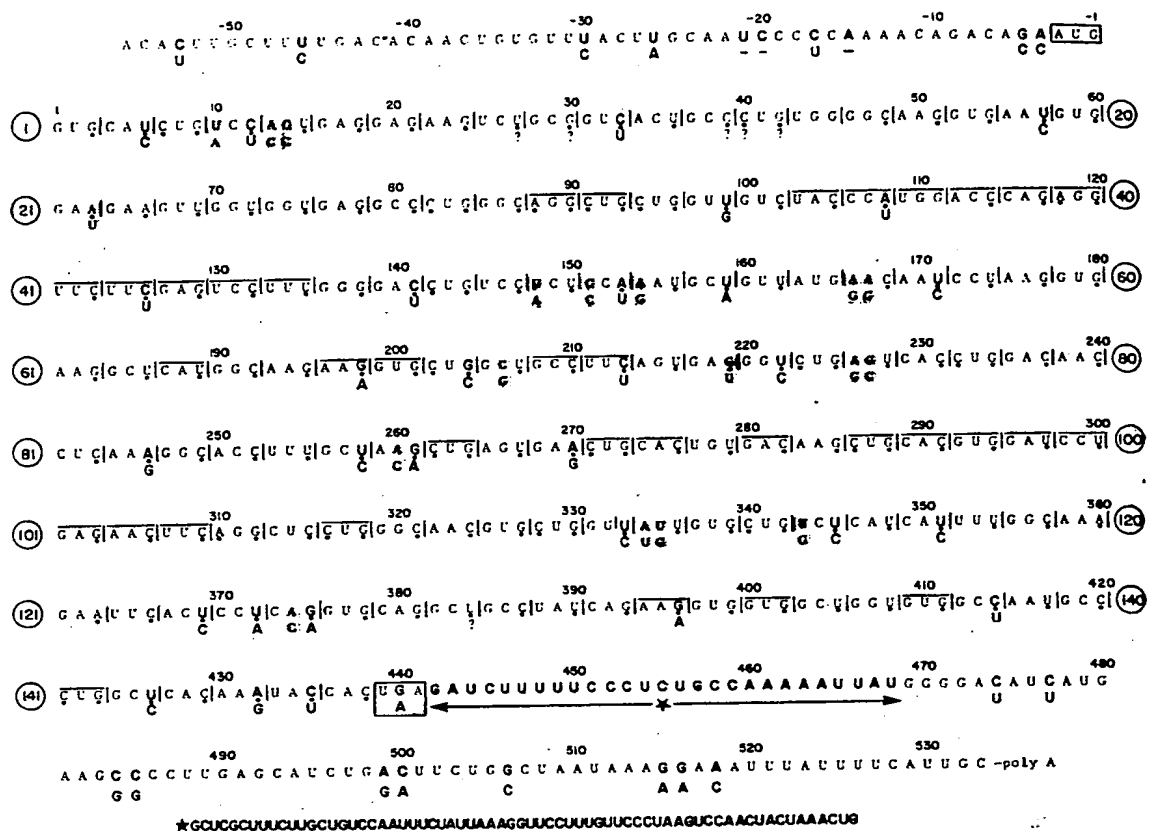


FIG. 1. Differences between the sequences of rabbit (upper line) and human (lower line) β -globin mRNAs. Circled numbers on the left indicate the amino acid positions. The nucleotides of the rabbit sequence are numbered from the first position following the initiator ATG (6). The initiation and termination codons are boxed. Triplets of the translated region are separated by vertical lines. Nucleotide substitutions leading to amino acid replacements are shadowed, and all other differences are indicated by bold face. The region immediately following the termination codon is very divergent, and the longer human sequence (\star) is shown separately. Unidentified residues are shown by ?s, and deletions by —. Dots indicate the silent substitution sites in the coding region. Overlining indicates the codons of the functionally most important amino acid residues (19). Data are from refs. 6, 7, and 8.

13

fig 10-1

← Homme Homme Homme

← Lapin Lapin Lapin

← Homme lapin Homme

14

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 4 0 0 0 356
0 0 0 0 0 0 0 0
0 21 21 6 0 1393 1277 427
0 0 0 3 0 0 0 275

~~~~~

MUTANT LHL GLOUSAMUTLHL

PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

-----  
BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89 144

3 4 1

LUCAS...

47 76 123

18 22 8

← Lapin Homme Lapin

-----  
SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 5 0 0 0 500  
2 0 0 1 110 0 0 55  
1 29 4 6 47 1769 275 474  
0 0 0 8 0 0 0 937

~~~~~

Figure 11

fig 11-1

~~~~~

~~~~~ ENSEMBLE DES RESONANCES BETAGLOBINE ~~~~~

~~~~~ PONT ENTRE GENE ET TERMINAL VERSION USA HOMME/LAPIN

~~~~~

PUR GLOUSAH

PONT 2 ENTRE GENE ET TERMINAL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

17 2

LUCAS...

47 76 123 199 322 521

15 26 20 41 20 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

1 0 0 0 55 0 0 0
0 0 0 18 0 0 0 1058
23 63 3 31 2565 12135 217 5145
3 0 0 0 199 0 0 0

~~~~~

PUR LAPIN GLOUSAL

PONT 2 ENTRE GENE ET TERMINAL

-----  
BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55

7

LUCAS...

47 76 123 199 322

41 63 26 22 9

-----  
SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0  
0 0 0 7 0 0 0 385



## Figure 12-

## LE GÉNOME DES EUCARYOTES : LE STOCKAGE DE L'INFORMATION 35

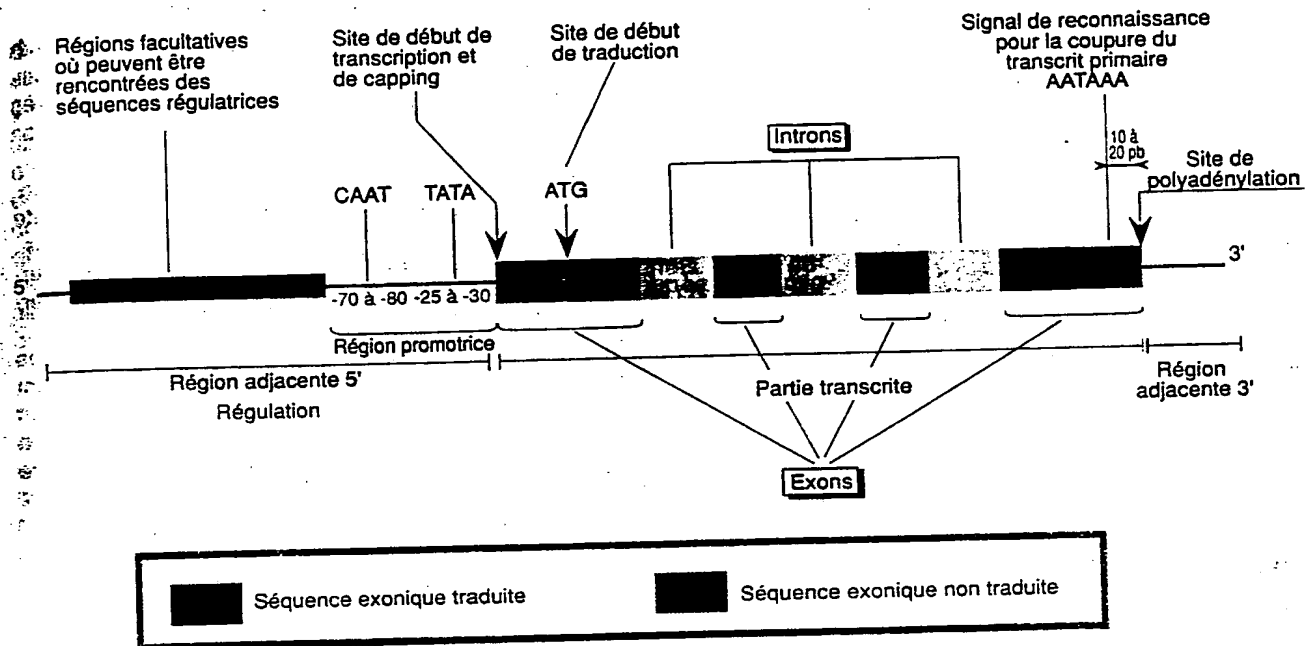


Figure 2-17 Schéma d'un gène codant pour une protéine (gène de classe II)

17

## Figure 13 -

## GENE GMCSF HOMME

|      |             |            |            |            |            |
|------|-------------|------------|------------|------------|------------|
| 1    | CAGGATGGGG  | AGCCCTATCT | AAGTGTCTCC | CACGCCCCAC | CCCAGCCATT |
| 51   | CCAGGCCAGG  | AAGTCCAAAC | TGTGCCCTC  | AGAGGGAGGG | GGCAGCCTCA |
| 101  | GGCCCATTTCA | GACTGCCCAG | GGAGGGCTGG | AGAGCCCTCA | GGAAGGCGGG |
| 151  | TGGGTGGGCT  | GTCGGTCTT  | GGAAAGGTTT | ATTAATGAAA | ACCCCCAAGC |
| 201  | CTGACCACCT  | AGGGAAAAGG | CTCACCGTTC | CCATGTGTGG | CTGATAAGGG |
| 251  | CCAGGAGATT  | CCACAGTTCA | GGTAGTTCCC | CCGCCTCCCT | GGCATTTTGT |
| 301  | GGTCACCATT  | AATCATTTCC | TCTGTGTATT | TAAGAGCTCT | TTTGCCAGTG |
| 351  | AGCCCAGCTA  | CACAGAGAGA | AAGGCTAAAG | TTCTCTGGAG | GATGTGGCTG |
| 401  | CAGAGCCTGC  | TGCTCTTGGG | CACTGTGGCC | TGCAGCATCT | CTGCACCCGC |
| 451  | CCGCTCGCCC  | AGCCCCAGCA | CGCAGCCCTG | GCAGCATGTG | AATGCCATCC |
| 501  | AGGAGGCCCG  | GCGTCTCCTG | AACCTGAGTA | GAGACACTGC | TGCTGAGATG |
| 551  | GAGCCGACCT  | GCCTACAGAC | CCGCCTGGAG | CTGTACAAGC | AGGGCCTGCG |
| 601  | GGGCAGCCTC  | ACCAAGCTCA | AGGGCCCCTT | GACCATGGCC | AGCCACTACA |
| 651  | AGCAGCACTG  | CCCTCCAACC | CCGGAAACTT | CCTGTGCAAC | CCAGATTATC |
| 701  | ACCTTTGAAA  | GTTTCAAAGA | GAACCTGAAG | GACTTTCTGC | TTGTCTATCC |
| 751  | CTTTGACTGC  | TGGGAGCCAG | TCCAGGAGTG | AGACCGGCCA | GATGAGGCTG |
| 801  | GCCAAGCCGG  | GGAGCTGCTC | TCTCATGAAA | CAAGAGCTAG | AAACTCAGGA |
| 851  | TGGTCATCTT  | GGAGGGACCA | AGGGGTGGGC | CACAGCCATG | GTGGGAGTGG |
| 901  | CCTGGACCTG  | CCCTGGGCAC | ACTGACCCTG | ATACAGGCAT | GGCAGAAGAA |
| 951  | TGGGAATATT  | TTATACTGAC | AGAAATCAGT | AATATTTATA | TATTTATATT |
| 1001 | TTTAAATAT   | TTATTTATTT | ATTTATTTAA | GTTTCATATC | CATATTTATT |
| 1051 | CAAGATGTTT  | TACCGTAATA | ATTATTATTA | AAAATATGCT | TCTACTTGTC |
| 1101 | CAGTGTTCTA  | GTTTGTTTTT | AACCATGAGC | AAATGCCA   |            |
| 1151 |             |            |            |            |            |

## GENE GMCSF SOURIS

|      |            |            |             |            |            |
|------|------------|------------|-------------|------------|------------|
| 1    | GGGCTGGAAT | GAGCCACCAG | AGTAGGTAGA  | GCTTGCCCAA | AGGCCTCCAG |
| 51   | GAACAGCAGG | TGCTATGGAA | GCAAGAGCCC  | CACTCAGTAT | CTCCCAAACC |
| 101  | CCGCCCCAGC | CACTCCAGGC | CAGGAAATCC  | AAATATGCCT | GGAGGCCCTT |
| 151  | CAAAAAGGAG | AGGCTAGCCA | GAGGCTGGGT  | CAGACTGCCC | AGGCAGGGTG |
| 201  | GGAAAGGCCT | TTAATCAGCC | CGCAGGTGGG  | CTGCCAGTTC | TTGGAAGGGC |
| 251  | TTATTAATGA | AAACCCCCCA | AGCCTGACAA  | CCTGGGGGAA | GGCTCACTGG |
| 301  | CCCCATGTAT | AGCTGATAAG | GGCCAGGAGA  | TTCCACAAC  | CAGGTAGTTC |
| 351  | CCCCGCCCCC | CTGGAGTTCT | GTGGTCACCA  | TTAATCATTT | CCTCTAACTG |
| 401  | TGTATATAAG | AGCTCTTTTG | CAGTGAGCCC  | AGTACTCAGA | GAGAAAGGCT |
| 451  | AAGGTCCTGA | GGAGGATGTG | GCTGCAGAA   | TTACTTTTCC | TGGGCATTGT |
| 501  | GGTCTACAGC | CTCTCAGCAC | CCACCCGCTC  | ACCCATCACT | GTCACCCGGC |
| 551  | CTTGGAAGCA | TGTAGAGGCC | ATCAAAGAAG  | CCCTGAACCT | CCTGGATGAC |
| 601  | ATGCCTGTCA | CGTTGAATGA | AGAGGTAGAA  | GTCGTCTCTA | ACGAGTTCTC |
| 651  | CTTCAAGAAG | CTAACATGTG | TGCAGACCCG  | CCTGAAGATA | TTGAGCAGG  |
| 701  | GTCTACGGGG | CAATTTTACC | AAACTCAAGG  | GCGCCTTGAA | CATGACAGCC |
| 751  | AGCTACTACC | AGACATACTG | CCCCCAACT   | CCGGAAACGG | ACTGTGAAAC |
| 801  | ACAAGTTACC | ACCTATGCGG | ATTTTCATAGA | CAGCCTTAAA | ACCTTTCTGA |
| 851  | CTGATATCCC | CTTTGAATGC | AAAAAACCAA  | GCCAAAAATG | AGGAAGCCCA |
| 901  | GGCCAGCTCT | GAATCCAGCT | TCTCAGACTG  | CTGCTTTTGT | GCCTGCGTAA |
| 951  | TGAGCCAGGA | ACTTGGAATT | TCTGCCTTAA  | AGGGACCAAG | AGATGTGGCA |
| 1001 | CAGCCACAGT | TGGAAGGCAG | TATAGCCCTC  | TGAAAACGCT | GACTCAGCTT |
| 1051 | GGACAGCGGA | AGACAAACGA | GAGATATTTT  | CTACTGATAG | GGACCATTAT |
| 1101 | ATTTATTTAT | ATATTTATAT | TTTTTAAATA  | TTTATTTATT | TATTTATTTA |
| 1151 | TTTTTGCAAC | TCTATTTATT | GAGAATGTCT  | TACCAGAATA | ATAAATTATT |
| 1201 | AAAACCTTTG | TTTGTATAGT | TATCTGGTTT  | ATTTTGAAAG | GGGAAAAATT |
| 1251 | TGGGCATAGG | TGGAGTGGGG | GAGCTATTGG  | GATATGGTAT | TGATGAGAGT |
| 1301 | CAATGCTGTC | A          |             |            |            |
| 1351 |            |            |             |            |            |

\*\*\*\*\*

← suppression THTA

19





## FIBONACCI...

55 89 144

5      6      4

LUCAS . . .

47 76 123 199 322 521 843

21 6 19 8 25 6 10

## SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 5 0 0 0 445 0 0

|   |   |    |   |   |   |     |   |
|---|---|----|---|---|---|-----|---|
| 0 | 0 | 10 | 0 | 0 | 0 | 940 | 0 |
|---|---|----|---|---|---|-----|---|

21 13 3 47 1899 4233 170 17902

0 4 0 7 0 445 0 329

[illegible]

## DETAIL RESONANCES PONTS

0000000000000000000000000000000000000000000000000000000

COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (BOX TATAA → TAAAA)

GENE MUTANT BILM3TATAHOMMEFUL

## FIBONACCI...

55 89 144

5 6 4

LUCAS...

47 76 123 199 322 521 843

21 15 12 23 25 6 10

## SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 5 0 0 0 445 0 0

|   |   |    |   |   |   |     |   |
|---|---|----|---|---|---|-----|---|
| 0 | 0 | 10 | 0 | 0 | 0 | 940 | 0 |
|---|---|----|---|---|---|-----|---|

33 13 8 47 4327 4233 550 17902

0 4 0 7 0 445 0 329

[illegible]

GENE MUTANT BILM3TATAHOMMEFUL

## FIBONACCI...

LUCAS...

521 843

3 6

## SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0 0

0 0 0 0 0 0 0 0 0

0 3 6 0 0 1885 4736 0

0 0 0 0 0      0      0 0

[illegible]

ETUDE HOMME  
 GM CSF ETUDE EFFET GLOBAL TATAA  
 VISUALISE LES PONTS A CHEVAL SUR BASE 781 (JOINT GENE/TERMINAL)  
 MUTATIONS TATAA BOX ETUDE EFFETS GLOBAUX  
 COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (TATAA BOX SUPPRIMEE)  
 GENE REEL BILHOMMEFUL

fig. 14-4

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...  
 FIBONACCI...  
 55 89 144

25 6 12  
 LUCAS...  
 47 76 123 199 322 521 843  
 23 28 5 3 52 30 10

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 17 0 0 1558  
 23 0 3 0 1914 0 165 0  
 3 40 46 55 890 5908 16672 21274  
 0 0 0 7 0 0 0 481

GENE BILDTATAHOMMEFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...  
 FIBONACCI...

55 89 144  
 25 6 12  
 LUCAS...  
 47 76 123 199 322 521 843  
 23 28 5 3 52 33 10

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 17 0 0 1558  
 23 0 3 0 1914 0 165 0  
 3 41 46 57 890 6751 16672 21994  
 0 0 0 7 0 0 0 481

DETAIL RESONANCES

22



GENE REEL BILHOMMEFUL

|    |    |   |   |    |    |    |
|----|----|---|---|----|----|----|
| 23 | 28 | 5 | 3 | 52 | 30 | 10 |
|----|----|---|---|----|----|----|

0 0 0 7 0 0 0 481

23 28 5 3 52 30 10

|   |   |   |   |   |   |   |     |
|---|---|---|---|---|---|---|-----|
| 0 | 0 | 0 | 7 | 0 | 0 | 0 | 481 |
|---|---|---|---|---|---|---|-----|

\_\_\_\_\_ GENE REEL BILHOMMEFUL

|    |    |   |   |    |    |    |
|----|----|---|---|----|----|----|
| 23 | 28 | 5 | 3 | 52 | 30 | 10 |
|----|----|---|---|----|----|----|

|   |   |   |   |   |   |   |     |
|---|---|---|---|---|---|---|-----|
| 0 | 0 | 0 | 7 | 0 | 0 | 0 | 481 |
|---|---|---|---|---|---|---|-----|

३९०

3 6

|   |   |   |   |   |      |      |   |
|---|---|---|---|---|------|------|---|
|   |   |   |   |   | 1985 | 1750 | 0 |
| 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0    | 0    | 6 |

GM CSF ETUDE EFFET GLOBAL TATAA GENE/ TERMINAL  
 VISUALISE LES PONTS A CHEVAL SUR BASE 465 (JOINT PRECURSEUR/GENE)  
 MUTATIONS TATAA BOX ETUDE EFFETS GLOBAUX  
 COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (TATAA BOX SUPPRIMEE)  
 GENE REEL BILSOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

4

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

4 13 5 14 13 7 19

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

|    |    |    |   |      |      |       |      |
|----|----|----|---|------|------|-------|------|
| 0  | 0  | 0  | 0 | 0    | 0    | 0     | 0    |
| 1  | 3  | 0  | 0 | 55   | 165  | 0     | 0    |
| 23 | 27 | 16 | 7 | 7797 | 8658 | 10514 | 1364 |
| 0  | 0  | 0  | 2 | 0    | 0    | 0     | 94   |

GENE BILDTATASOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

2

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

3 12 6 14 8 19 17

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

|    |    |    |    |      |       |       |      |
|----|----|----|----|------|-------|-------|------|
| 0  | 0  | 0  | 0  | 0    | 0     | 0     | 0    |
| 0  | 2  | 0  | 0  | 0    | 110   | 0     | 0    |
| 16 | 33 | 19 | 11 | 3828 | 13177 | 12370 | 2008 |
| 0  | 0  | 0  | 0  | 0    | 0     | 0     | 0    |

COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (BOX TATAA + AGGGG)

GENE REEL BILSOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

4

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

4 13 5 14 13 7 19

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

|    |    |    |   |      |      |       |      |
|----|----|----|---|------|------|-------|------|
| 0  | 0  | 0  | 0 | 0    | 0    | 0     | 0    |
| 1  | 3  | 0  | 0 | 55   | 165  | 0     | 0    |
| 23 | 27 | 16 | 7 | 7797 | 8658 | 10514 | 1364 |
| 0  | 0  | 0  | 2 | 0    | 0    | 0     | 94   |

GENE MUTANT BILMITATASOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

4

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

4 11 10 13 10 8 11

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

|    |    |   |    |      |      |      |      |
|----|----|---|----|------|------|------|------|
| 0  | 0  | 0 | 0  | 0    | 0    | 0    | 0    |
| 1  | 3  | 0 | 0  | 55   | 165  | 0    | 0    |
| 18 | 27 | 9 | 11 | 5362 | 8658 | 5380 | 2008 |
| 0  | 0  | 0 | 2  | 0    | 0    | 0    | 94   |

DETAIL RESONANCES PONTS

COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (BOX TATAA - TACAA)

GENE REEL BILSOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

4

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

4 13 5 14 13 7 19

2692594  
fig 15-3

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0

1 3 0 0 55 165 0 0

23 27 16 7 7797 8658 10514 1364

0 0 0 2 0 0 0 94

~~~~~

GENE MUTANT BILM2TATASOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

4

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

4 12 5 11 13 8 11

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0

1 3 0 0 55 165 0 0

18 27 10 7 5514 8658 5901 1364

0 0 0 2 0 0 0 94

~~~~~

DETAIL RESONANCES PONTS

~~~~~

COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (BOX TATAA + TAAAA)

GENE REEL BILSOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

4

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

4 13 5 14 13 7 19

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0

1 3 0 0 55 165 0 0

23 27 16 7 7797 8658 10514 1364

0 0 0 2 0 0 0 94

~~~~~

GENE MUTANT BILM3TATASOURISFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55

4

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843

4 12 5 11 13 8 11

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0

1 3 0 0 55 165 0 0

18 27 10 7 5514 8658 5901 1364

0 0 0 2 0 0 0 94

~~~~~

27

fig 15-5

DETAIL RESONANCES PONTS

78

Figure 16-

Fig 16-1

TGF BETA1 GENE COMPLET (NON CODANT ET CODANT)

1	GGATCCTTAG	CAGGGGAGTA	ACATGGATT	GGAAAGATCA	CTTGGGCTGC	
51	TGTGTGGGGA	TAGATAAGAC	GGTGGGAGCC	TAGAAAGGAG	GCTGGGTTGG	
101	AAACTCTGGG	ACAGAAACCC	AGAGAGGAAA	AGACTGGGCC	TGGGGTCTCC	
151	AGTGAGTATC	AGGGAGTGGG	GAATCAGCAG	GAGTCTGGTC	CCCACCCATC	
201	CCTCCTTTCC	CCTCTCTCTC	CTTTCCTGCA	GGCTGGCCCC	GGCTCCATTT	
251	CCAGGTGTGG	TCCCAGGACA	GCTTTGGCCG	CTGCCAGCTT	GCAGGCTATG	
301	GATTTTGCCA	TGTGCCAGT	AGCCCCGGCA	CCCACAGCT	GGCCTGCCCC	
351	ACGTGGCGGC	CCCTGGGCAG	TTGGCGAGAA	CAGTTGGCAC	GGGCTTTCGT	
401	GGGTGGTGGG	CCGCAGCTGC	TGCATGGGGA	CACCATCTAC	AGTGGGGCCG	
451	ACCGCTATCG	CCTGCACACA	GCTGCTGGTG	GCACCGTGCA	CCTGGAGATC	
501	GGCCTGCTGC	TCCGCAACTT	CGACCGCTAC	GGCGTGGAGT	GCTGAGGGAC	
551	TCTGCCTCCA	ACGTCAACCAC	CATCCACACC	CCGGACACCC	AGTGTGGGG	
601	GAGGATGGCA	CAGTGGTCAA	GAGCACAGAC	TCTAGAGACT	GTCAGAGCTG	
651	ACCCAGCTA	AGGCATGGCA	CCGCTTCTGT	CCTTCTAGG	ACCTCGGGGT	
701	CCCTCTGGGC	CCAGTTTCCC	TATCTGTAAA	TTGGGGACAG	TAAATGTATG	
751	GGGTGCGCAG	GTGTTGAGTG	ACAGGAGGCT	GCTTAGCCAC	ATGGGAGGTG	
801	CTCAGTAAAG	GAGAGCAATT	CTTACAGGTG	TCTGCCTCCT	GACCCCTCCA	
851	TCCCTCAGGT	GTCCTGTTGC	CCCCTCCTCC	CACTGACACC	CTCCGGAGGC	
901	CCCATGTTG	ACAGACCCCT	CTTCTCTTAC	CTTGTTCCTC	AGCCTGACTC	
951	TCCTTCCGTT	CTGGGTCCCC	CTCCTCTGTT	CGGCTCCCC	GTGTCTCATC	
1001	CCCCGGATTA	AGCCTTCTCC	GCCTGGTCTC	CTTCTCTCTG	TGACCCACAC	
1051	CGCCCGCAAA	GCCACAGCGC	ATCTGGATCA	CCCGCTTTGG	TGGCGCTTGG	
1101	CCGCCAGGAG	GCAGCACCCT	GTTTGGCGGG	CGGAGCCGGG	GAGCCCGCCC	
1151	CCTTTCCCCC	AGGGCTGAAG	GGACCCCCCT	CGGAGCCCGC	CCACCGAGA	
1201	TGAGGACGGT	GGCCAGACCC	CCCCATGCCC	TCCCCCTGGG	GGCCCGCCCC	
1251	GCTCCCGCCC	CGTGCGCTTC	CTGGGTGGGG	CCGGGGGCGG	CTTCAAACCC	
1301	CCCTGCGGAC	CCAGCCGGTC	CCCGCCGGCG	CCGCCCTTCG	CGCCCTGGGC	
1351	CATCTCCCTC	CCACCTCCCT	CCCGGGAGCA	GCCAGACAGC	GAGGGCCCCG	
1401	GCCGGGGGCA	GGGGGGACGC	CCCGTCCGGG	GCACCCCCC	GGCTCTGAGC	
1451	CGCCCGCGGG	GCCGGCCTCG	GCCCGGAGCG	GAGGAAGGAG	TGCGCCAGGA	
1501	GCAGCCTGAG	GCCTCAGAGT	CTGAGACGAG	CCGCCCGCCG	CCCCGCCACT	
1551	GCGGGGAGGA	GGGGGAGGAG	GAGCGGGAGG	AGGGACGAGC	TGGTCCGGAG	
1601	AAGAGGAAAA	AAACTTTTGA	GACTTTTCCG	TTGCCCTGCG	GAGCCGGAGG	
1651	CGCGGGGACC	TCTTGGCGCG	ACGCTGCCCC	GCGAGGAGGC	AGGACTTGGG	
1701	GACCCAGACG	CGCCTCCCTT	TGCCGCGGGG	GACGCTTGCT	CCCTCCCTGC	
1751	CCCCTACACG	CGCTCCCTCA	GGCGCCCCCA	TTCCGGACCA	GCCCTCGGGA	
1801	GTGCGCGACC	CGGCCTCCCG	CAAAGACTTT	TCCCCAGACC	TCCGGCGCAC	
1851	CCCCTGACAG	CCGCCTTCAT	CCCCGCGCTG	TCTCTGAGC	CCCCGCGCAT	
1901	CCTAGACCCT	TTCTCTCCA	GGAGACGGAT	CTCTCTCCGA	CCTGCCACAG	
1951	ATCCCTTATT	CAAGACCACC	CACCTTCTGG	TACCAGATCG	CGCCCATCTA	
2001	GGTTATTTC	GTGGGATACT	GAGACACCCC	CGGTCCAAGC	CTCCCTCCA	
2051	CCACTGCGCC	CTTCTCCCTG	AGGAGCCTCA	GCTTCCCTC	GAGGCCCTCC	
2101	TACCTTTTGC	CGGGAGACCC	CCAGCCCCCTG	CAGGGGCGGG	GCCTCCCCAC	
2151	CACACCAGCC	CTGTTCCGCG	TCTCGGCAGT	GCCGGGGGGG	GCCGCTCC	
2201	CCATGCCGCG	CTCCGGGCTG	CGGCTGCTGC	CGCTGCTGCT	ACCGCTGCTG	
2251	TGGTACTGCG	TGCTGACGCC	TGGCCCGCCG	GCCGCGGGAC	TATCCACCTG	
2301	CAAGACTATC	GACATGGAGC	TGGTGAAGCG	GAAGCGCATC	GAGGCCATCC	
2351	GCGGCCAGAT	CCTGTCCAAG	CTGGCGCTCG	CCAGCCCCC	GAGCCAGGGG	
2401	GAGGTGCCGC	CCGGCCCGCT	GCCCGAGGCC	GTGCTCGCCG	TGTACAACAG	
2451	CACCCGCGAC	CGGGTGGCCG	GGGAGAGTGC	AGAACCAGAG	CCCGAGCCTG	
2501	AGGCCGACTA	CTAGCCCAAG	GAGGTACCCC	GCGTGCTAAT	GGTGGAAACC	
2551	CACAACGAAA	TCTATGACAA	GTTCAAGCAG	AGTACACACA	GCATATATAT	
2601	GTTCTTCAAC	ACATCAGAGC	TCCGAGAAGC	GGTACCTGAA	CCCGTGTGTC	
2651	TCTCCCGGGC	AGAGCTGCGT	CTGCTGAGGA	GGCTCAAGTT	AAAAGTGGAG	
2701	CAGCACGTGG	AGCTGTACCA	GAAATACAGC	AACAATTCCT	GGCGATACCT	
2751	CAGCAACCGG	CTGCTGGCAC	CCAGCGACTC	GCCAGAGTGG	TTATCTTTTG	
2801	ATGTCACCGG	AGTTGTGCGG	CAGTGGTTGA	GCCGTGGAGG	GGAAATTTAG	
2851	GGCTTTGCGC	TTAGCGCCCA	CTGCTCCTGT	GACAGCAGGG	ATAACACACT	
2901	GCAAGTGGAC	ATCAACGGGT	TCACTACCGG	CCGCCGAGGT	GACCTGGCCA	
2951	CCATTTCATG	CATGAACCGG	CCTTTCCTGC	TTCTCATGGC	CACCCCGCTG	
3001	GAGAGGGCCC	AGCATCTGCA	AAGCTCCCGG	CACCCCGGAG	CCCTGGACAC	
3051	CAACTATTGC	TTCAGTCCA	CGGAGAAGAA	CTGCTGCGTG	CGGCAGCTGT	
3101	ACATTGACTT	CCGCAAGGAC	CTCGGCTGGA	AGTGGATCCA	CGAGCCCAAG	
3151	GGCTACCATG	CCAACCTCTG	CCTCGGGCCC	TGCCCTTACA	TTTGGAGCCT	
3201	GGACACGCGA	TACAGCAAGG	TCCTGGCCCT	GTACAACCGA	CATAACCCCG	
3251	GCGCCTCGGC	GGCGCCGTGC	TGCGTGCCCG	AGGCGCTGGA	GCCGCTGCC	
3301	ATCGTGACT	ACGTGGGCGG	CAAGCCCCAG	GTGGAGCAGC	TGTCCAACAT	
3351	GATCGTGCGC	TCCTGCAAGT	GCAGCTGAGG	TCCCGCCCCG	CCCGCCCCGC	
3401	CCCGGCGAGG	CCGGCCCCAC	CCCGCCCCCG	CCCGCTGCCC	TTGCCCATATG	
3451	GGGCTGTATT	TAAFFACACC	GTGCCCAAAG	CCCACTGGG	GCCCCATTAA	
3501	AGATGGAGAG	AGGACTGCGG	ATCTCTGTGT	CATTGGGCGC	CTGCTGGGG	
3551	TCTCCATCCC	TGACGTTCCC	CCACTCCCAC	TCCCTCTCTC	TCCCTCTCTG	
3601	CCTCCTCTCT	CCTGTCTGCA	CTATTCCCTT	GCCCGGCATC	AAGGCACAGG	
3651	GGACCACTGG	GGAACACTAC	TGTAGTTAGA	TCTATTTATT	GAGCACCTTG	
3701	GGCACTGTTG	AAGTGCTTAA	CATTATGAA	CTCATTCAGT	CACCATAGCA	
3751	ACACTCTGAG	ATGGCAGGGA	CTCTGATAAC	ACCCATTTTA	AAGGTTGAGG	
3801	AAACAAGCCC	AGAGAGGTTA	AGGGAGGAGT	TCCTGCCAC	CAGGAACCTG	
3851	CTTTAGTGGG	GGATAGTGAA	GAAGACAATA	AAAGATAGTA	GTTCAGGCCA	
3901	GGCGGGGTGC	TCACGCCTGT	AATCCTAGCA	CTTTTGGGAG	GCAGAGATGG	
3951	GAGGATACTT	GAATCCAGGC	ATTTGAGACC	AGCCTGGGTA	ACATAGTGAG	
4001	ACCCTATCTC	TACAAAACAC	TTTTAAAAAA	TGTACACCTG	TGGTCCCAGC	
4051	TACTCTGGAG	GCTAAGGTGG	GAGGATCACT	TGATCCTGGG	AGGTCAAGGC	
4101	TGCAG					
4151						

Region
N1Region
"Enhancer"Region
N2Region
P

A Précurseur

↓ Début
gène
traduit

↓ Fin gène

↑ Début
Region
Terminale

Figure 17-

fig 17-1

VISUALISE PONTS A CHEVAL BASES 2203 (JOINTS PRECURSEUR/GENE)
 SUPPRESSION REGIONS COMPLETES DE REGULATION

PONTES RESONANCES ENTRE PRECURSEUR ET
 LE RESTE (GENE OU TERMINAL)
 VISUALISE PONTS A CHEVAL BASES 2203 (JOINTS PRECURSEUR/GENE)
 SUPPRESSION REGIONS COMPLETES DE REGULATION
 COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (REGULATION N1- SUPPRIMEE)
 GENE REEL BILFULTEBETA1

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55	89	144	233	377	610	987	1597	2584
8	3	9	11	3	12	33	5	1

LUCAS...

47	76	199	322	521	843	1364	2207
5	2	4	13	5	9	8	15

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	21	0	1	0	14428	0	55
38	0	25	0	18507	0	23167	0
0	0	0	32	0	0	0	25120
0	25	0	4	0	34270	0	188

GENE REGUL N1- SUPPRIMEE

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55	89	144	233	377	610	987	1597	2584
7	3	6	12	7	10	30	1	1

LUCAS...

47	76	123	199	322	521	843	1364	2207
3	2	1	6	18	3	11	10	14

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	17	0	3	0	11179	0	165
31	0	26	0	13784	0	21714	0
0	0	0	36	0	0	0	29335
0	30	0	2	0	33351	0	94

DETAIL RESONANCES PONTS

2149	2	1	55	1921	2	1	55
2152	2	1	55	1924	2	1	55
2155	2	1	55	1933	2	1	55
2164	2	1	55	1942	1	4	55
2170	2	1	55	1945	1	4	55
2173	1	4	55	1948	1	4	55
2179	2	1	55	1954	2	1	55
2182	2	1	55	1909	2	1	89
2140	2	1	89	1912	2	1	89
2143	2	1	89	1915	2	1	89
2146	2	1	89	1855	2	1	144
2086	2	1	144	1858	2	1	144
2092	2	1	144	1861	2	1	144
2101	2	1	144	1876	2	1	144
2107	2	1	144	1882	2	1	144
2113	2	1	144	1957	1	2	144
2182	1	2	144	1879	2	1	233
2185	1	2	144	1882	2	1	233
2188	1	2	144	1921	1	2	233
2191	1	2	144	1939	1	2	233

fig 17-2

2110	2	1	233	1945	2	1	233
2113	2	1	233	1948	1	2	233
2173	2	1	233	1948	2	1	233
2176	2	1	233	1957	2	1	233
2179	2	1	233	1960	2	1	233
2188	2	1	233	1963	2	1	233
2191	2	1	233	1966	2	1	233
2194	2	1	233	1969	2	1	233
2200	1	2	233	1915	2	3	377
2200	2	1	233	1918	1	2	377
2203	1	2	233	1918	2	3	377
2083	2	1	377	1921	1	2	377
2146	2	3	377	1921	2	3	377
2158	1	2	377	1927	1	2	377
1600	2	3	610	1939	2	3	377
1879	2	3	610	1369	2	3	610
1882	2	3	610	1651	2	3	610
1888	2	3	610	1654	2	3	610
1975	1	2	610	1660	2	3	610
1978	1	2	610	1747	1	2	610
1984	1	2	610	1756	1	2	610
1987	1	2	610	1783	1	2	610
2014	1	2	610	1786	1	2	610
2017	1	2	610	1792	1	2	610
2020	1	2	610	1795	1	2	610
2023	1	2	610	1036	2	1	987
1264	2	1	987	1045	2	1	987
1267	2	1	987	1048	2	1	987
1279	2	1	987	1051	2	1	987
1282	2	1	987	1078	2	1	987
1306	2	1	987	1081	2	1	987
1309	2	1	987	1126	2	3	987
1351	2	3	987	1129	2	1	987
1357	2	3	987	1129	2	3	987
1360	2	1	987	1135	2	3	987
1363	2	3	987	1138	2	1	987
1366	2	1	987	1138	2	3	987
1366	2	3	987	1144	2	1	987
1369	2	1	987	1150	2	3	987
1369	2	3	987	1156	2	3	987
1375	2	1	987	1177	2	3	987
1387	2	3	987	1180	2	3	987
1405	2	3	987	1183	2	3	987
1408	2	3	987	1189	2	3	987
1411	2	3	987	1192	2	3	987
1414	2	3	987	1195	2	3	987
1417	2	3	987	1198	2	3	987
1420	2	3	987	1201	2	3	987
1423	2	3	987	1210	2	3	987
1426	2	3	987	1213	2	3	987
1429	2	3	987	1216	2	3	987
1432	2	3	987	1228	2	3	987
1441	2	3	987	1525	1	2	987
1444	2	3	987	1528	1	2	987
1447	2	3	987	1531	1	2	987
1762	1	2	987	727	2	1	1597
1765	1	2	987	646	1	2	2584
1771	1	2	987	1945	4	4	47
1774	1	2	987	1948	4	4	47
955	2	1	1597	1966	3	4	47

fig 17-3

958	2	1	1597	1909	3	4	76
982	2	3	1597	1912	3	4	76
1195	2	1	1597	1969	4	2	123
1222	1	2	1597	1816	3	4	199
835	1	2	2584	1918	4	2	199
2173	4	4	47	1921	4	2	199
2176	4	4	47	1924	4	2	199
2179	4	4	47	1927	4	2	199
2182	4	4	47	1969	4	2	199
2194	3	4	47	1738	3	4	322
2140	3	4	76	1741	3	4	322
2143	3	4	76	1744	3	4	322
2047	3	4	199	1747	3	4	322
2149	4	2	199	1753	3	4	322
2152	4	2	199	1759	3	4	322
2158	4	2	199	1765	3	4	322
1966	3	4	322	1930	4	2	322
1969	3	4	322	1933	4	2	322
1972	3	4	322	1936	4	2	322
1975	3	4	322	1939	4	2	322
1984	3	4	322	1942	4	2	322
1996	3	4	322	1945	4	2	322
2167	4	2	322	1948	4	2	322
2170	4	2	322	1951	4	2	322
2173	4	2	322	1954	4	2	322
2179	4	2	322	1963	4	2	322
2182	4	2	322	1966	4	2	322
2185	4	2	322	1678	3	4	521
2197	4	2	322	1699	3	4	521
1909	3	4	521	1702	3	4	521
1927	3	4	521	1372	3	4	843
1930	3	4	521	1387	3	4	843
1933	3	4	521	1441	3	4	843
2059	4	2	521	1444	3	4	843
1600	3	4	843	1447	3	4	843
1615	3	4	843	1636	3	4	843
1618	3	4	843	1660	3	4	843
1675	3	4	843	1663	3	4	843
1891	3	4	843	1669	3	4	843
1894	3	4	843	1675	3	4	843
1900	3	4	843	1678	3	4	843
1906	3	4	843	1543	3	4	1364
1909	3	4	843	1549	3	4	1364
1768	3	4	1364	1555	3	4	1364
1786	3	4	1364	1603	3	4	1364
1798	3	4	1364	1606	3	4	1364
1834	3	4	1364	1621	3	4	1364
1837	3	4	1364	1624	3	4	1364
1846	3	4	1364	1630	3	4	1364
1852	3	4	1364	1651	3	4	1364
1882	3	4	1364	1654	3	4	1364
145	4	2	2207	124	4	2	2207
148	4	2	2207	127	4	2	2207
154	4	2	2207	157	4	2	2207
352	4	2	2207	175	4	2	2207
358	4	2	2207	181	4	2	2207
385	4	2	2207	187	4	2	2207
406	4	2	2207	202	4	2	2207
415	4	2	2207	205	4	2	2207
418	4	2	2207	208	4	2	2207

000

GENE REEL BILFULFBETA1

FIBONACCI...

8 3 9 11 3 12 33 5 1

47 76 199 322 521 843 1364 2207

5 2 4 13 5 9 8 15

0	21	0	1	0	14428	0	55
---	----	---	---	---	-------	---	----

38 0 25 0 18507 0 23167 0

0 0 0 32 0 0 0 25120

0	25	0	4	0	34270	0	188
---	----	---	---	---	-------	---	-----

GENE PRECURSEUR ENHANCER SUPPRIME

FIBONACCI...

55 89 144 233 377 610 987 1597 2584

7 3 6 12 7 10 30 1 1

LUCAS . . .

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207

3 2 1 6 18 3 11 10 3

0 17 0 3 0 11179 0 165

31 0 26 0 13784 0 21714 0

0 0 0 36 0 0 0 29335

0 19 0 2 0 9074 0 94

DETAIL RESONANCES PONTS

2149 2 1 55 1750 2 1 55

2152 2 1 55 1753 2 1 55

2155 2 1 55 1762 2 1 55

2164 2 1 55 1771 1 4 55

2170 2 1 55 1774 1 4 55

2173 1 4 55 1777 1 4 55

2179 2 1 55 1783 2 1 55

2179	2	1	55	1735	2	1	55
2182	2	1	55	1738	2	1	89

2132	2	1	99	1738	2	1	89
2140	2	1	89	1741	2	1	89

2143	2	1	89	1741	2	1	89
2143	2	1	89	1744	2	1	89

2145	2	1	89	1744	2	1	89
2146	2	1	89	1684	2	1	144

2148	2	1	89	1684	2	1	144
2086	2	1	144	1687	2	1	144

2089	2	1	144	1687	2	1	144
2092	2	1	144	1690	2	1	144

2092	2	1	144	1690	2	1	144
2101	3	1	144	1705	3	1	144

2101	2	1	144	1709	2	1	144
2107	3	1	144	1711	3	1	144

2107	2	1	144	1711	2	1	144
2113	2	1	144	1786	1	2	144

2113	2	1	144	1788	1	2	144
2182	1	2	144	1708	2	1	232

2182	1	2	144	1708	2	1	233
2185	1	2	144	1711	2	1	233

2185	1	2	144	1711	2	1	233
2188	1	2	144	1750	1	2	233

fig 17-5

2191	1	2	144	1768	1	2	233
2110	2	1	233	1774	2	1	233
2113	2	1	233	1777	1	2	233
2173	2	1	233	1777	2	1	233
2176	2	1	233	1786	2	1	233
2179	2	1	233	1789	2	1	233
2188	2	1	233	1792	2	1	233
2191	2	1	233	1795	2	1	233
2194	2	1	233	1798	2	1	233
2200	1	2	233	1744	2	3	377
2200	2	1	233	1747	1	2	377
2203	1	2	233	1747	2	3	377
2083	2	1	377	1750	1	2	377
2146	2	3	377	1750	2	3	377
2158	1	2	377	1756	1	2	377
1600	2	3	610	1768	2	3	377
1879	2	3	610	1198	2	3	610
1882	2	3	610	1480	2	3	610
1888	2	3	610	1483	2	3	610
1975	1	2	610	1489	2	3	610
1978	1	2	610	1576	1	2	610
1984	1	2	610	1585	1	2	610
1987	1	2	610	1612	1	2	610
2014	1	2	610	1615	1	2	610
2017	1	2	610	1621	1	2	610
2020	1	2	610	1624	1	2	610
2023	1	2	610	865	2	1	987
1264	2	1	987	874	2	1	987
1267	2	1	987	877	2	1	987
1279	2	1	987	880	2	1	987
1282	2	1	987	907	2	1	987
1306	2	1	987	910	2	1	987
1309	2	1	987	955	2	3	987
1351	2	3	987	958	2	1	987
1357	2	3	987	958	2	3	987
1360	2	1	987	964	2	3	987
1363	2	3	987	967	2	1	987
1366	2	1	987	967	2	3	987
1366	2	3	987	973	2	1	987
1369	2	1	987	979	2	3	987
1369	2	3	987	985	2	3	987
1375	2	1	987	1006	2	3	987
1387	2	3	987	1009	2	3	987
1405	2	3	987	1012	2	3	987
1408	2	3	987	1018	2	3	987
1411	2	3	987	1021	2	3	987
1414	2	3	987	1024	2	3	987
1417	2	3	987	1027	2	3	987
1420	2	3	987	1030	2	3	987
1423	2	3	987	1039	2	3	987
1426	2	3	987	1042	2	3	987
1429	2	3	987	1045	2	3	987
1432	2	3	987	1057	2	3	987
1441	2	3	987	1354	1	2	987
1444	2	3	987	1357	1	2	987
1447	2	3	987	1360	1	2	987
1762	1	2	987	556	2	1	1597
1765	1	2	987	475	1	2	2584
1771	1	2	987	1774	4	4	47
1774	1	2	987	1777	4	4	47

fig 17-6

955	2	1	1597	1795	3	4	47
958	2	1	1597	1738	3	4	76
982	2	3	1597	1741	3	4	76
1195	2	1	1597	1798	4	2	123
1222	1	2	1597	1645	3	4	199
835	1	2	2584	1747	4	2	199
2173	4	4	47	1750	4	2	199
2176	4	4	47	1753	4	2	199
2179	4	4	47	1756	4	2	199
2182	4	4	47	1798	4	2	199
2194	3	4	47	1567	3	4	322
2140	3	4	76	1570	3	4	322
2143	3	4	76	1573	3	4	322
2047	3	4	199	1576	3	4	322
2149	4	2	199	1582	3	4	322
2152	4	2	199	1588	3	4	322
2158	4	2	199	1594	3	4	322
1966	3	4	322	1759	4	2	322
1969	3	4	322	1762	4	2	322
1972	3	4	322	1765	4	2	322
1975	3	4	322	1768	4	2	322
1984	3	4	322	1771	4	2	322
1996	3	4	322	1774	4	2	322
2167	4	2	322	1777	4	2	322
2170	4	2	322	1780	4	2	322
2173	4	2	322	1783	4	2	322
2179	4	2	322	1792	4	2	322
2182	4	2	322	1795	4	2	322
2185	4	2	322	1507	3	4	521
2197	4	2	322	1528	3	4	521
1909	3	4	521	1531	3	4	521
1927	3	4	521	1201	3	4	843
1930	3	4	521	1216	3	4	843
1933	3	4	521	1270	3	4	843
2059	4	2	521	1273	3	4	843
1600	3	4	843	1276	3	4	843
1615	3	4	843	1465	3	4	843
1618	3	4	843	1489	3	4	843
1675	3	4	843	1492	3	4	843
1891	3	4	843	1498	3	4	843
1894	3	4	843	1504	3	4	843
1900	3	4	843	1507	3	4	843
1906	3	4	843	1372	3	4	1364
1909	3	4	843	1378	3	4	1364
1768	3	4	1364	1384	3	4	1364
1786	3	4	1364	1432	3	4	1364
1798	3	4	1364	1435	3	4	1364
1834	3	4	1364	1450	3	4	1364
1837	3	4	1364	1453	3	4	1364
1846	3	4	1364	1459	3	4	1364
1852	3	4	1364	1480	3	4	1364
1882	3	4	1364	1483	3	4	1364
145	4	2	2207	190	4	2	2207
148	4	2	2207	412	4	2	2207
154	4	2	2207	1228	3	4	2207
352	4	2	2207	0	0	0	0
358	4	2	2207	0	0	0	0
385	4	2	2207	0	0	0	0
406	4	2	2207	0	0	0	0
415	4	2	2207	0	0	0	0

35

00

GENE REEL BILFULTFBETA1

FIBONACCI...

8 3 9 11 3 12 33 5 1

47 76 199 322 521 843 1364 2207

5 2 4 13 5 9 8 15

0	21	0	1	0	14428	0	55
---	----	---	---	---	-------	---	----

0 0 0 32 0 0 0 25120

0	25	0	4	0	34270	0	188
---	----	---	---	---	-------	---	-----

[illegible]

GENE REGULATION N2- SUPPRIMEE

FIBONACCI...

7 3 6 12 7 10 30 3

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207

3 2 1 6 18 3 11 10 6

0 16 0 3 0 8595 0 165

0 0 0 36 0 0 0 29335

0 22 0 2 0 15695 0 94

[illegible]

2149 2 1 55 1750 2 1 55

2152 2 1 55 1753 2 1 55

2155 2 1 55 1762 2 1 55

2164 2 1 55 1771 1 4 55

2170 2 1 55 1774 1 4 55

2173 1 4 55 1777 1 4 55

2179 2 1 55 1783 2 1 55

2182 2 1 55 1738 2 1 89

2140 2 1 89 1741 2 1 89

2143 2 1 89 1744 2 1 89

2146 2 1 89 1684 2 1 144

2086 2 1 144 1687 2 1 144

2092 2 1 144 1690 2 1 144

2101 2 1 144 1705 2 1 144

2107 2 1 144 1711 2 1 144

2113 2 1 144 1786 1 2 144

2182 1 2 144 1708 2 1 233

2185 1 2 144 1711 2 1 233

36

fy 17-8

2188	1	2	144	1750	1	2	233
2191	1	2	144	1768	1	2	233
2110	2	1	233	1774	2	1	233
2113	2	1	233	1777	1	2	233
2173	2	1	233	1777	2	1	233
2176	2	1	233	1786	2	1	233
2179	2	1	233	1789	2	1	233
2188	2	1	233	1792	2	1	233
2191	2	1	233	1795	2	1	233
2194	2	1	233	1798	2	1	233
2200	1	2	233	1744	2	3	377
2200	2	1	233	1747	1	2	377
2203	1	2	233	1747	2	3	377
2083	2	1	377	1750	1	2	377
2146	2	3	377	1750	2	3	377
2158	1	2	377	1756	1	2	377
1600	2	3	610	1768	2	3	377
1879	2	3	610	1198	2	3	610
1882	2	3	610	1480	2	3	610
1888	2	3	610	1483	2	3	610
1975	1	2	610	1489	2	3	610
1978	1	2	610	1576	1	2	610
1984	1	2	610	1585	1	2	610
1987	1	2	610	1612	1	2	610
2014	1	2	610	1615	1	2	610
2017	1	2	610	1621	1	2	610
2020	1	2	610	1624	1	2	610
2023	1	2	610	865	2	1	987
1264	2	1	987	874	2	1	987
1267	2	1	987	877	2	1	987
1279	2	1	987	880	2	1	987
1282	2	1	987	907	2	1	987
1306	2	1	987	910	2	1	987
1309	2	1	987	955	2	3	987
1351	2	3	987	958	2	1	987
1357	2	3	987	958	2	3	987
1360	2	1	987	964	2	3	987
1363	2	3	987	967	2	1	987
1366	2	1	987	967	2	3	987
1366	2	3	987	973	2	1	987
1369	2	1	987	979	2	3	987
1369	2	3	987	985	2	3	987
1375	2	1	987	1006	2	3	987
1387	2	3	987	1009	2	3	987
1405	2	3	987	1012	2	3	987
1408	2	3	987	1018	2	3	987
1411	2	3	987	1021	2	3	987
1414	2	3	987	1024	2	3	987
1417	2	3	987	1027	2	3	987
1420	2	3	987	1030	2	3	987
1423	2	3	987	1039	2	3	987
1426	2	3	987	1042	2	3	987
1429	2	3	987	1045	2	3	987
1432	2	3	987	1057	2	3	987
1441	2	3	987	1354	1	2	987
1444	2	3	987	1357	1	2	987
1447	2	3	987	1360	1	2	987
1762	1	2	987	556	2	1	1597
1765	1	2	987	475	1	2	2584
1771	1	2	987	1774	4	4	47

37

fig 17-9

1774	1	2	987	1777	4	4	47
955	2	1	1597	1795	3	4	47
958	2	1	1597	1738	3	4	76
982	2	3	1597	1741	3	4	76
1195	2	1	1597	1798	4	2	123
1222	1	2	1597	1645	3	4	199
835	1	2	2584	1747	4	2	199
2173	4	4	47	1750	4	2	199
2176	4	4	47	1753	4	2	199
2179	4	4	47	1756	4	2	199
2182	4	4	47	1798	4	2	199
2194	3	4	47	1567	3	4	322
2140	3	4	76	1570	3	4	322
2143	3	4	76	1573	3	4	322
2047	3	4	199	1576	3	4	322
2149	4	2	199	1582	3	4	322
2152	4	2	199	1588	3	4	322
2158	4	2	199	1594	3	4	322
1966	3	4	322	1759	4	2	322
1969	3	4	322	1762	4	2	322
1972	3	4	322	1765	4	2	322
1975	3	4	322	1768	4	2	322
1984	3	4	322	1771	4	2	322
1996	3	4	322	1774	4	2	322
2167	4	2	322	1777	4	2	322
2170	4	2	322	1780	4	2	322
2173	4	2	322	1783	4	2	322
2179	4	2	322	1792	4	2	322
2182	4	2	322	1795	4	2	322
2185	4	2	322	1507	3	4	521
2197	4	2	322	1528	3	4	521
1909	3	4	521	1531	3	4	521
1927	3	4	521	1201	3	4	843
1930	3	4	521	1216	3	4	843
1933	3	4	521	1270	3	4	843
2059	4	2	521	1273	3	4	843
1600	3	4	843	1276	3	4	843
1615	3	4	843	1465	3	4	843
1618	3	4	843	1489	3	4	843
1675	3	4	843	1492	3	4	843
1891	3	4	843	1498	3	4	843
1894	3	4	843	1504	3	4	843
1900	3	4	843	1507	3	4	843
1906	3	4	843	1372	3	4	1364
1909	3	4	843	1378	3	4	1364
1768	3	4	1364	1384	3	4	1364
1786	3	4	1364	1432	3	4	1364
1798	3	4	1364	1435	3	4	1364
1834	3	4	1364	1450	3	4	1364
1837	3	4	1364	1453	3	4	1364
1846	3	4	1364	1459	3	4	1364
1852	3	4	1364	1480	3	4	1364
1882	3	4	1364	1483	3	4	1364
145	4	2	2207	190	4	2	2207
148	4	2	2207	412	4	2	2207
154	4	2	2207	1228	3	4	2207
352	4	2	2207	0	0	0	0
358	4	2	2207	0	0	0	0
385	4	2	2207	0	0	0	0
406	4	2	2207	0	0	0	0

38

000

2149	2	1	55	2071	2	1	55
2152	2	1	55	2074	2	1	55
2155	2	1	55	2077	2	1	55
2164	2	1	55	2083	2	1	55
2170	2	1	55	2089	1	4	55
2173	1	4	55	2092	1	4	55
2179	2	1	55	2098	1	4	55
2182	2	1	55	2101	1	4	55
2140	2	1	89	2104	1	4	55
2143	2	1	89	2104	2	1	55
2146	2	1	89	2062	2	1	89
2086	2	1	144	2068	2	1	89
2092	2	1	144	2008	2	1	144
2101	2	1	144	2011	2	1	144
2107	2	1	144	2032	2	1	144
2113	2	1	144	2107	1	2	144
2182	1	2	144	2110	1	2	144

2185	1	2	144	2029	2	1	233
2188	1	2	144	2032	2	1	233
2191	1	2	144	2035	2	1	233
2110	2	1	233	2089	1	2	233
2113	2	1	233	2092	2	1	233
2173	2	1	233	2095	2	1	233
2176	2	1	233	2098	2	1	233
2179	2	1	233	2110	2	1	233
2188	2	1	233	2113	2	1	233
2191	2	1	233	2116	2	1	233
2194	2	1	233	2122	1	2	233
2200	1	2	233	2122	2	1	233
2200	2	1	233	2068	2	3	377
2203	1	2	233	2071	1	2	377
2083	2	1	377	2071	2	3	377
2146	2	3	377	2077	1	2	377
2158	1	2	377	2080	1	2	377
1600	2	3	610	1513	2	3	610
1879	2	3	610	1801	2	3	610
1882	2	3	610	1804	2	3	610
1888	2	3	610	1810	2	3	610
1975	1	2	610	1894	1	2	610
1978	1	2	610	1897	1	2	610
1984	1	2	610	1906	1	2	610
1987	1	2	610	1909	1	2	610
2014	1	2	610	1936	1	2	610
2017	1	2	610	1939	1	2	610
2020	1	2	610	1942	1	2	610
2023	1	2	610	1945	1	2	610
1264	2	1	987	1948	1	2	610
1267	2	1	987	1183	2	1	987
1279	2	1	987	1186	2	1	987
1282	2	1	987	1189	2	1	987
1306	2	1	987	1192	2	1	987
1309	2	1	987	1195	2	1	987
1351	2	3	987	1198	2	1	987
1357	2	3	987	1201	2	1	987
1360	2	1	987	1204	2	1	987
1363	2	3	987	1213	2	1	987
1366	2	1	987	1228	2	1	987
1366	2	3	987	1231	2	1	987
1369	2	1	987	1240	2	1	987
1369	2	3	987	1276	2	3	987
1375	2	1	987	1279	2	3	987
1387	2	3	987	1285	2	3	987
1405	2	3	987	1288	2	1	987
1408	2	3	987	1288	2	3	987
1411	2	3	987	1294	2	1	987
1414	2	3	987	1327	2	3	987
1417	2	3	987	1333	2	3	987
1420	2	3	987	1339	2	3	987
1423	2	3	987	1342	2	3	987
1426	2	3	987	1345	2	3	987
1429	2	3	987	1348	2	3	987
1432	2	3	987	1351	2	3	987
1441	2	3	987	1360	2	3	987
1444	2	3	987	1363	2	3	987
1447	2	3	987	1366	2	3	987
1762	1	2	987	1378	2	3	987
1765	1	2	987	1675	1	2	987

fig 17-11

fig 17-12

1771	1	2	987	1678	1	2	987
1774	1	2	987	1684	1	2	987
955	2	1	1597	1693	1	2	987
958	2	1	1597	586	2	3	1597
982	2	3	1597	850	2	1	1597
1195	2	1	1597	898	2	3	1597
1222	1	2	1597	1117	2	1	1597
835	1	2	2584	820	1	2	2584
2173	4	4	47	826	1	2	2584
2176	4	4	47	838	1	2	2584
2179	4	4	47	2095	4	4	47
2182	4	4	47	2098	4	4	47
2194	3	4	47	2101	4	4	47
2140	3	4	76	2104	4	4	47
2143	3	4	76	2116	3	4	47
2047	3	4	199	2059	3	4	76
2149	4	2	199	2062	3	4	76
2152	4	2	199	2002	3	4	123
2158	4	2	199	1966	3	4	199
1966	3	4	322	2071	4	2	199
1969	3	4	322	2074	4	2	199
1972	3	4	322	2107	4	2	199
1975	3	4	322	1888	3	4	322
1984	3	4	322	1891	3	4	322
1996	3	4	322	1894	3	4	322
2167	4	2	322	1897	3	4	322
2170	4	2	322	1900	3	4	322
2173	4	2	322	1903	3	4	322
2179	4	2	322	1906	3	4	322
2182	4	2	322	2098	4	2	322
2185	4	2	322	2101	4	2	322
2197	4	2	322	2104	4	2	322
1909	3	4	521	1828	3	4	521
1927	3	4	521	1852	3	4	521
1930	3	4	521	1855	3	4	521
1933	3	4	521	1519	3	4	843
2059	4	2	521	1522	3	4	843
1600	3	4	843	1537	3	4	843
1615	3	4	843	1540	3	4	843
1618	3	4	843	1591	3	4	843
1675	3	4	843	1594	3	4	843
1891	3	4	843	1606	3	4	843
1894	3	4	843	1771	4	2	843
1900	3	4	843	1810	3	4	843
1906	3	4	843	1813	3	4	843
1909	3	4	843	1828	3	4	843
1768	3	4	1364	1252	4	2	1364
1786	3	4	1364	1591	3	4	1364
1798	3	4	1364	1594	3	4	1364
1834	3	4	1364	1606	3	4	1364
1837	3	4	1364	1690	3	4	1364
1846	3	4	1364	1693	3	4	1364
1852	3	4	1364	1699	3	4	1364
1882	3	4	1364	1756	3	4	1364
145	4	2	2207	1765	3	4	1364
148	4	2	2207	1774	3	4	1364
154	4	2	2207	1801	3	4	1364
352	4	2	2207	1804	3	4	1364
358	4	2	2207	145	4	2	2207
385	4	2	2207	148	4	2	2207
406	4	2	2207	214	4	2	2207
415	4	2	2207	232	4	2	2207
418	4	2	2207	1549	3	4	2207
439	4	2	2207	0	0	0	0
457	4	2	2207	0	0	0	0
460	4	2	2207	0	0	0	0
814	4	2	2207	0	0	0	0
817	4	2	2207	0	0	0	0
1579	3	4	2207	0	0	0	0

41

Figure 18- 1g18-1

```

#####
#####
VISUALISE LES PONTS A CHEVAL SUR BASE 2203+1176 (JOINT GENE/TERMINAL
##### SUPPRESSION REGIONS COMPLETES DE REGULATION #####
#####
VISUALISE LES PONTS A CHEVAL SUR BASE 2203+1176 (JOINT GENE/TERMINAL
##### SUPPRESSION REGIONS COMPLETES DE REGULATION #####
COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (REGULATION N1- SUPPRIMEE)
_____ GENE REEL BILBOUTFBETA1 _____

```

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55 89 144 233 377 610

9 3 10 8 13 2

LUCAS

47 76 123

6 3 2

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 10 0 0 0 762 0 0

11 0 24 0 4181 0 5244 0

0 2 0 2 0 123 0 94

0 7 0 0 0 539 0 0

```

#####
#####

```

_____ GENE REGUL N1- SUPPRIMEE _____

fig 18-2

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55 89 144 233 377 610 2584

6 4 12 15 21 3 1

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207

11 8 4 9 6 9 5 2 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 23 0 0 0 10103 0 0

21 0 18 0 4956 0 3181 0

0 2 0 37 0 123 0 13354

0 16 0 0 0 5702 0 0

DETAIL RESONANCES PONTS

3346 2 3 55 3106 1 2 55

3352 1 2 55 3109 2 3 55

3355 1 2 55 3112 2 3 55

3358 1 2 55 3115 2 1 55

3361 1 2 55 3115 2 3 55

3364 1 2 55 3118 2 1 55

3367 1 2 55 3079 1 2 89

3373 1 2 55 3079 2 1 89

3376 1 2 55 3094 2 3 89

3325 2 3 89 3097 2 3 89

3328 2 3 89 3013 2 3 144

3376 1 2 89 3028 2 1 144

3244 2 3 144 3031 2 1 144

3274 2 3 144 3034 2 1 144

3277 2 3 144 3037 2 1 144

3280 2 3 144 3046 2 3 144

3289 2 3 144 3049 2 3 144

3298 2 3 144 3100 2 1 144

3364 2 3 144 3133 2 3 144

3367 2 3 144 3139 2 3 144

3370 2 3 144 3145 2 3 144

3376 2 3 144 3148 2 3 144

3205 2 3 233 2938 1 2 233

3208 2 3 233 2944 1 2 233

3211 2 3 233 2944 2 1 233

3349 2 3 233 2947 2 1 233

3370 2 1 233 2950 1 2 233

3373 2 1 233 2950 2 1 233

3376 2 1 233 2956 1 2 233

3379 1 2 233 2974 2 3 233

3220 2 3 377 2998 2 1 233

3223 2 3 377 3037 2 1 233

3259 2 3 377 3061 2 1 233

3262 2 3 377 3070 1 2 233

3265 2 3 377 3076 1 2 233

3268 2 3 377 3100 2 3 233

3271 2 3 377 3103 2 3 233

3289 2 1 377 2833 2 1 377

3292 2 1 377 2857 1 2 377

3295 2 1 377 2881 2 1 377

3298 2 1 377 2884 2 1 377

3301 2 1 377 2887 2 1 377

3340 2 1 377 2905 2 1 377

3124 2 1 610 2911 2 1 377

3127 2 1 610 2914 2 1 377

43

fig 18-3

3334	3	2	47	2929	1	2	377
3334	3	4	47	2935	1	2	377
3337	3	4	47	2941	1	2	377
3343	4	2	47	2947	1	2	377
3361	4	2	47	2953	1	2	377
3370	4	2	47	2983	2	3	377
3304	3	2	76	3058	2	3	377
3343	4	2	76	3061	2	3	377
3376	4	2	76	3100	1	2	377
3352	4	2	123	3103	1	2	377
3355	4	2	123	3106	1	2	377
0	0	0	0	3109	1	2	377
0	0	0	0	3112	1	2	377
0	0	0	0	2746	1	2	610
0	0	0	0	2749	1	2	610
0	0	0	0	2815	1	2	610
0	0	0	0	646	1	2	2584
0	0	0	0	3103	3	2	47
0	0	0	0	3106	3	4	47
0	0	0	0	3109	3	4	47
0	0	0	0	3112	3	4	47
0	0	0	0	3115	3	4	47
0	0	0	0	3115	4	2	47
0	0	0	0	3121	3	4	47
0	0	0	0	3127	3	4	47
0	0	0	0	3130	3	4	47
0	0	0	0	3145	3	4	47
0	0	0	0	3148	3	4	47
0	0	0	0	3073	3	2	76
0	0	0	0	3091	4	2	76
0	0	0	0	3106	3	4	76
0	0	0	0	3112	3	4	76
0	0	0	0	3115	3	4	76
0	0	0	0	3121	3	4	76
0	0	0	0	3133	3	4	76
0	0	0	0	3145	3	4	76
0	0	0	0	3046	4	2	123
0	0	0	0	3088	3	4	123
0	0	0	0	3091	3	4	123
0	0	0	0	3106	3	4	123
0	0	0	0	2980	4	2	199
0	0	0	0	3055	3	4	199
0	0	0	0	3061	3	4	199
0	0	0	0	3064	3	4	199
0	0	0	0	3073	3	4	199
0	0	0	0	3103	3	4	199
0	0	0	0	3109	3	4	199
0	0	0	0	3112	3	4	199
0	0	0	0	3142	3	4	199
0	0	0	0	2869	4	2	322
0	0	0	0	2983	4	2	322
0	0	0	0	2986	4	2	322
0	0	0	0	2998	4	2	322
0	0	0	0	3001	4	2	322
0	0	0	0	3040	3	4	322
0	0	0	0	2680	4	2	521
0	0	0	0	2707	4	2	521
0	0	0	0	2710	4	2	521
0	0	0	0	2725	4	2	521
0	0	0	0	2728	4	2	521

fig 18-5

3274	2	3	144	2863	2	1	144
3277	2	3	144	2866	2	1	144
3280	2	3	144	2875	2	3	144
3289	2	3	144	2878	2	3	144
3298	2	3	144	2929	2	1	144
3364	2	3	144	2962	2	3	144
3367	2	3	144	2968	2	3	144
3370	2	3	144	2974	2	3	144
3376	2	3	144	2977	2	3	144
3205	2	3	233	2767	1	2	233
3208	2	3	233	2773	1	2	233
3211	2	3	233	2773	2	1	233
3349	2	3	233	2776	2	1	233
3370	2	1	233	2779	1	2	233
3373	2	1	233	2779	2	1	233
3376	2	1	233	2785	1	2	233
3379	1	2	233	2803	2	3	233
3220	2	3	377	2827	2	1	233
3223	2	3	377	2866	2	1	233
3259	2	3	377	2890	2	1	233
3262	2	3	377	2899	1	2	233
3265	2	3	377	2905	1	2	233
3268	2	3	377	2929	2	3	233
3271	2	3	377	2932	2	3	233
3289	2	1	377	2662	2	1	377
3292	2	1	377	2686	1	2	377
3295	2	1	377	2710	2	1	377
3298	2	1	377	2713	2	1	377
3301	2	1	377	2716	2	1	377
3340	2	1	377	2734	2	1	377
3124	2	1	610	2740	2	1	377
3127	2	1	610	2743	2	1	377
3334	3	2	47	2758	1	2	377
3334	3	4	47	2764	1	2	377
3337	3	4	47	2770	1	2	377
3343	4	2	47	2776	1	2	377
3361	4	2	47	2782	1	2	377
3370	4	2	47	2812	2	3	377
3304	3	2	76	2887	2	3	377
3343	4	2	76	2890	2	3	377
3376	4	2	76	2929	1	2	377
3352	4	2	123	2932	1	2	377
3355	4	2	123	2935	1	2	377
0	0	0	0	2938	1	2	377
0	0	0	0	2941	1	2	377
0	0	0	0	2575	1	2	610
0	0	0	0	2578	1	2	610
0	0	0	0	2644	1	2	610
0	0	0	0	475	1	2	2584
0	0	0	0	2932	3	2	47
0	0	0	0	2935	3	4	47
0	0	0	0	2938	3	4	47
0	0	0	0	2941	3	4	47
0	0	0	0	2944	3	4	47
0	0	0	0	2944	4	2	47
0	0	0	0	2950	3	4	47
0	0	0	0	2956	3	4	47
0	0	0	0	2959	3	4	47
0	0	0	0	2974	3	4	47
0	0	0	0	2977	3	4	47

46

Pg 18-7

~~~~~  
 GENE REGULATION N2- SUPPRIMEE  
 ~~~~~

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55 89 144 233 377 610
 6 4 12 15 21 3

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207
 11 8 4 9 6 9 5 2 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 22 0 0 0 7519 0 0
 21 0 18 0 4956 0 3181 0
 0 2 0 37 0 123 0 13354
 0 16 0 0 0 5702 0 0

DETAIL RESONANCES PONTS

3346 2 3 55 2935 1 2 55
 3352 1 2 55 2938 2 3 55
 3355 1 2 55 2941 2 3 55
 3358 1 2 55 2944 2 1 55
 3361 1 2 55 2944 2 3 55
 3364 1 2 55 2947 2 1 55
 3367 1 2 55 2908 1 2 89
 3373 1 2 55 2908 2 1 89
 3376 1 2 55 2923 2 3 89
 3325 2 3 89 2926 2 3 89
 3328 2 3 89 2842 2 3 144
 3376 1 2 89 2857 2 1 144
 3244 2 3 144 2860 2 1 144
 3274 2 3 144 2863 2 1 144
 3277 2 3 144 2866 2 1 144
 3280 2 3 144 2875 2 3 144
 3289 2 3 144 2878 2 3 144
 3298 2 3 144 2929 2 1 144
 3364 2 3 144 2962 2 3 144
 3367 2 3 144 2968 2 3 144
 3370 2 3 144 2974 2 3 144
 3376 2 3 144 2977 2 3 144
 3205 2 3 233 2767 1 2 233
 3208 2 3 233 2773 1 2 233
 3211 2 3 233 2773 2 1 233
 3349 2 3 233 2776 2 1 233
 3370 2 1 233 2779 1 2 233
 3373 2 1 233 2779 2 1 233
 3376 2 1 233 2785 1 2 233
 3379 1 2 233 2803 2 3 233
 3220 2 3 377 2827 2 1 233
 3223 2 3 377 2866 2 1 233
 3259 2 3 377 2890 2 1 233
 3262 2 3 377 2899 1 2 233
 3265 2 3 377 2905 1 2 233
 3268 2 3 377 2929 2 3 233
 3271 2 3 377 2932 2 3 233
 3289 2 1 377 2662 2 1 377
 3292 2 1 377 2686 1 2 377
 3295 2 1 377 2710 2 1 377
 3298 2 1 377 2713 2 1 377

fig 18-8

3301	2	1	377	2716	2	1	377
3340	2	1	377	2734	2	1	377
3124	2	1	610	2740	2	1	377
3127	2	1	610	2743	2	1	377
3334	3	2	47	2758	1	2	377
3334	3	4	47	2764	1	2	377
3337	3	4	47	2770	1	2	377
3343	4	2	47	2776	1	2	377
3361	4	2	47	2782	1	2	377
3370	4	2	47	2812	2	3	377
3304	3	2	76	2887	2	3	377
3343	4	2	76	2890	2	3	377
3376	4	2	76	2929	1	2	377
3352	4	2	123	2932	1	2	377
3355	4	2	123	2935	1	2	377
0	0	0	0	2938	1	2	377
0	0	0	0	2941	1	2	377
0	0	0	0	2575	1	2	610
0	0	0	0	2578	1	2	610
0	0	0	0	2644	1	2	610
0	0	0	0	475	1	2	2584
0	0	0	0	2932	3	2	47
0	0	0	0	2935	3	4	47
0	0	0	0	2938	3	4	47
0	0	0	0	2941	3	4	47
0	0	0	0	2944	3	4	47
0	0	0	0	2944	4	2	47
0	0	0	0	2950	3	4	47
0	0	0	0	2956	3	4	47
0	0	0	0	2959	3	4	47
0	0	0	0	2974	3	4	47
0	0	0	0	2977	3	4	47
0	0	0	0	2902	3	2	76
0	0	0	0	2920	4	2	76
0	0	0	0	2935	3	4	76
0	0	0	0	2941	3	4	76
0	0	0	0	2944	3	4	76
0	0	0	0	2950	3	4	76
0	0	0	0	2962	3	4	76
0	0	0	0	2974	3	4	76
0	0	0	0	2875	4	2	123
0	0	0	0	2917	3	4	123
0	0	0	0	2920	3	4	123
0	0	0	0	2935	3	4	123
0	0	0	0	2809	4	2	199
0	0	0	0	2884	3	4	199
0	0	0	0	2890	3	4	199
0	0	0	0	2893	3	4	199
0	0	0	0	2902	3	4	199
0	0	0	0	2932	3	4	199
0	0	0	0	2938	3	4	199
0	0	0	0	2941	3	4	199
0	0	0	0	2971	3	4	199
0	0	0	0	2698	4	2	322
0	0	0	0	2812	4	2	322
0	0	0	0	2815	4	2	322
0	0	0	0	2827	4	2	322
0	0	0	0	2830	4	2	322
0	0	0	0	2869	3	4	322
0	0	0	0	2509	4	2	521

fig 18-9

0	0	0	0	2536	4	2	521
0	0	0	0	2539	4	2	521
0	0	0	0	2554	4	2	521
0	0	0	0	2557	4	2	521
0	0	0	0	2677	3	4	521
0	0	0	0	2683	3	4	521
0	0	0	0	2767	4	2	521
0	0	0	0	2776	4	2	521
0	0	0	0	2392	3	4	843
0	0	0	0	2395	3	4	843
0	0	0	0	2398	3	4	843
0	0	0	0	2404	3	4	843
0	0	0	0	2710	3	4	843
0	0	0	0	1999	3	4	1364
0	0	0	0	2338	3	4	1364
0	0	0	0	1228	3	4	2207

00

COMPARE (PRECURSEUR + GENE + TERMINAL) ET (REGULATION P+ SUPPRIMEE)
GENE REEL BILBOUTFBETA1 _____

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO...

55 89 144 233 377 610

9 3 10 8 13 2

LUCAS

47 76 123

6 3 2

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	10	0	0	0	762	0	0
11	0	24	0	4181	0	5244	0
0	2	0	2	0	123	0	94
0	7	0	0	0	539	0	0

[illegible]

GENE REGULATION P+ SUPPRESSED

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBO . . .

55 89 144 233 377 610 2584

5 4 13 11 21 5 3

LUCAS

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207

8 8 9 8 3 10 5 7 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0	26	0	0	0	16025	0	0
20	0	16	0	4867	0	2893	0
0	2	0	39	0	123	0	19530
0	18	0	0	0	6176	0	0

DETAIL RESONANCES PONTS

3346	2	3	55	3259	2	3	55
3352	1	2	55	3262	2	3	55
3355	1	2	55	3265	2	1	55
3358	1	2	55	3265	2	3	55
3361	1	2	55	3268	2	1	55
3364	1	2	55	3229	1	2	89
3367	1	2	55	3229	2	1	89
3373	1	2	55	3244	2	3	89
3376	1	2	55	3247	2	3	89

50

Pg 18-10

3325	2	3	89	3163	2	3	144
3328	2	3	89	3175	1	2	144
3376	1	2	89	3178	1	2	144
3244	2	3	144	3178	2	1	144
3274	2	3	144	3181	2	1	144
3277	2	3	144	3184	2	1	144
3280	2	3	144	3187	1	2	144
3289	2	3	144	3187	2	1	144
3298	2	3	144	3196	2	3	144
3364	2	3	144	3199	2	3	144
3367	2	3	144	3250	2	1	144
3370	2	3	144	3289	2	3	144
3376	2	3	144	3295	2	3	144
3205	2	3	233	3088	1	2	233
3208	2	3	233	3094	2	1	233
3211	2	3	233	3097	1	2	233
3349	2	3	233	3097	2	1	233
3370	2	1	233	3100	2	1	233
3373	2	1	233	3124	2	3	233
3376	2	1	233	3187	2	1	233
3379	1	2	233	3190	2	3	233
3220	2	3	377	3223	1	2	233
3223	2	3	377	3226	1	2	233
3259	2	3	377	3253	2	3	233
3262	2	3	377	2983	2	1	377
3265	2	3	377	3010	1	2	377
3268	2	3	377	3031	2	1	377
3271	2	3	377	3034	2	1	377
3289	2	1	377	3037	2	1	377
3292	2	1	377	3040	2	1	377
3295	2	1	377	3055	2	1	377
3298	2	1	377	3061	2	1	377
3301	2	1	377	3064	2	1	377
3340	2	1	377	3079	1	2	377
3124	2	1	610	3082	1	2	377
3127	2	1	610	3103	1	2	377
3334	3	2	47	3133	2	3	377
3334	3	4	47	3208	2	3	377
3337	3	4	47	3211	2	3	377
3343	4	2	47	3247	1	2	377
3361	4	2	47	3250	1	2	377
3370	4	2	47	3253	1	2	377
3304	3	2	76	3256	1	2	377
3343	4	2	76	3262	1	2	377
3376	4	2	76	3265	1	2	377
3352	4	2	123	2896	1	2	610
3355	4	2	123	2899	1	2	610
0	0	0	0	2902	1	2	610
0	0	0	0	2962	1	2	610
0	0	0	0	2968	1	2	610
0	0	0	0	820	1	2	2584
0	0	0	0	826	1	2	2584
0	0	0	0	838	1	2	2584
0	0	0	0	3253	3	2	47
0	0	0	0	3262	3	4	47
0	0	0	0	3265	3	4	47
0	0	0	0	3265	4	2	47
0	0	0	0	3277	3	4	47
0	0	0	0	3280	3	4	47
0	0	0	0	3295	3	4	47

1	222	18	116	55	51545	1126	12015	
336	36	394	45	60316	2799	92102	2815	
161	186	144	402	14503	19531	13523	92126	←
4	273	16	145	188	77044	839	11616	

~~~~~ GENE PRECURSEUR ENHANCER SUPPRIME ~~~~~

fig 19-2

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89 144 233 377 610 987 1597 2584  
419 228 116 54 76 37 43 6 1

LUCAS...

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207  
460 262 189 130 72 57 24 14 3

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

2 201 19 110 110 45890 1147 10146

281 36 287 46 52381 2833 63249 2870

159 166 141 369 14597 20608 13237 85131 ←

6 224 18 130 282 43107 904 11761

~~~~~

~~~~~

COMPARE (PRECURSEUR+GENE+TERMINAL) ET (REGULATION N2- SUPPRIMEE)

~~~~~ GENE REEL BILFULTFBETA1 ~~~~~

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89 144 233 377 610 987 1597 2584
464 286 146 86 83 36 50 16 1

LUCAS...

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207
490 298 220 130 81 48 29 16 15

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

1 222 18 116 55 51545 1126 12015

336 36 394 45 60316 2799 92102 2815

161 186 144 402 14503 19531 13523 92126 ←

4 273 16 145 188 77044 839 11616

~~~~~

~~~~~ GENE REGULATION N2- SUPPRIMEE ~~~~~

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89 144 233 377 610 987 1597
447 268 143 82 83 39 42 5

LUCAS...

47 76 123 199 322 521 843 1364 2207
456 274 197 124 74 52 19 12 6

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

2 232 19 115 110 48139 1147 10701

301 26 382 34 51902 2147 76609 2074

106 165 142 386 8045 19233 13371 80829 ←

3 253 18 143 141 52221 904 13114

~~~~~

~~~~~

COMPARE (PRECURSEUR+GENE+TERMINAL) ET (REGULATION P+ SUPPRIMEE)

~~~~~ GENE REEL BILFULTFBETA1 ~~~~~

54

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

|          |     |     |     |     |     |     |      |      |
|----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|------|
| 55       | 89  | 144 | 233 | 377 | 610 | 987 | 1597 | 2584 |
| 464      | 286 | 146 | 86  | 83  | 36  | 50  | 16   | 1    |
| LUCAS... |     |     |     |     |     |     |      |      |
| 47       | 76  | 123 | 199 | 322 | 521 | 843 | 1364 | 2207 |
| 490      | 298 | 220 | 130 | 81  | 48  | 29  | 16   | 15   |

## SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

|     |     |     |     |       |       |       |       |
|-----|-----|-----|-----|-------|-------|-------|-------|
| 1   | 222 | 18  | 116 | 55    | 51545 | 1126  | 12015 |
| 336 | 36  | 394 | 45  | 60316 | 2799  | 92102 | 2815  |
| 161 | 186 | 144 | 402 | 14503 | 19531 | 13523 | 92126 |
| 4   | 273 | 16  | 145 | 188   | 77044 | 839   | 11616 |

[illegible]

GENE REGULATION P+ SUPPRIMEE

## BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

## FIBONACCI...

|          |     |     |     |     |     |     |      |      |
|----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|------|
| 55       | 89  | 144 | 233 | 377 | 610 | 987 | 1597 | 2584 |
| 492      | 281 | 154 | 86  | 78  | 39  | 49  | 4    | 3    |
| LUCAS... |     |     |     |     |     |     |      |      |
| 47       | 76  | 123 | 199 | 322 | 521 | 843 | 1364 | 2207 |
| 492      | 311 | 226 | 124 | 73  | 60  | 29  | 26   | 5    |

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

|     |     |     |     |       |       |       |        |
|-----|-----|-----|-----|-------|-------|-------|--------|
| 0   | 226 | 22  | 132 | 0     | 56632 | 1346  | 14217  |
| 325 | 36  | 401 | 44  | 59748 | 2731  | 72582 | 2726   |
| 142 | 183 | 158 | 427 | 10932 | 19298 | 14970 | 101383 |
| 2   | 253 | 18  | 165 | 94    | 62840 | 904   | 14673  |

~~~~~

Figure 2c

PRECURSEUR BETAGLOBINE

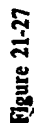
1	GTAGAGCCAC	ACCCTGGTAA	GAGCCAATCT	GCTCACACAG	GATAGAGAGG
51	GCAGGAGCCA	GGGCAGAGCA	TATAAGGTGA	GGTAGGATCA	GTTGCTCCTC
101	ACATTTGCTT	CTGACACAAC	TGTGTTCACT	AGCAACCTCA	AACAGACACC
151					
201					

BETAGLOBINE.: PARTIE TRADUITE

1	ATGGTGCACC	TGACTCCTGA	GGAGAAGTCT	GCGGTTACTG	CCCTGTGGGG
51	CAAGGTGAAC	GTGGATGAAG	TTGGTGGTGA	GGCCCTGGGC	AGGCTGCTGG
101	TGGTCTACCC	TTGGACCCAG	AGGTTCTTTG	AGTCTTTTGG	GGATCTGTCC
151	ACTCCTGATG	CAGTTATGGG	CAACCCTAAG	GTGAAGGCTC	ATGGCAAGAA
201	AGTGCTCGGT	GCCTTTAGTG	ATGGCCTGGC	TCACCTGGAC	AACCTCAAGG
251	GCACCTTTGC	CACACTGAGT	GAGCTGCACT	GTGACAAGCT	GCACGTGGAT
301	CCTGAGAACT	TCAGGCTCCT	GGGCAACGTG	CTGGTCTGTG	TGCTGGCCCCA
351	TCACTTTGGC	AAAGAATTCA	CCCCACCAGT	GCAGGCTGCC	TATCAGAAAG
401	TGGTGGCTGG	TGTGGCTAAT	GCCCTGGCCC	ACAAGTATCA	CTAA
451					

BETAGLOBINE: REGION TERMINALE

1	GCTCGCTTTC	TTGCTTGCCA	ATTTCTATTA	AAGGTCCTT	TGTTCCCTAA
51	GTCCAAC TAC	TAAACTGGGG	GATATTATGA	AGGGCCTTGA	GCATCTGGAT
101	TCTGCCTAAT	AAAAAACATT	TATTTTCATT	GC	
151					



Les séquences essentielles de deux des promoteurs les mieux caractérisés de l'ARN polymérase II de mammifère. (a) Comment une mutagenèse intensive du promoteur de la β -globine humaine a révélé que des séquences homologues à celles que l'on trouve dans d'autres promoteurs sont nécessaires à la transcription. On a introduit des mutations ponctuelles dans l'ADN cloné en utilisant l'acide nitreux, l'acide formique ou l'hydrazine, et on a mesuré le niveau de la synthèse d'ARN après introduction des promoteurs mutés dans des cellules *HeLa*. Les positions où les mutations provoquent une activité de promoteur plus faible sont indiquées en couleur; les positions où les mutations ont augmenté la synthèse de l'ARN sont indiquées en gris. Toutes les autres substitutions ont donné des niveaux de transcription de type sauvage. Noter que le site de départ de l'ARN, la boîte TATA, ainsi que l'homologie CCAAT sont toutes des régions de promoteur sensibles aux mutations. [Données aimablement communiquées par R.M. Myers, K. Tilly et T. Maniatis; voir aussi R.M. Myers, L.S. Lerman et T. Maniatis, *Science*, 229 (1985) : 242-247.] (b) Comment la mutagenèse par substitution d'une ou plu-

sièurs bases groupées a révélé la localisation de séquences essentielles dans le promoteur de la thymidine kinase du virus de l'herpès. Les substitutions de bases groupées sont effectuées par la technique de *linker scanning* [voir S.L. McKnight et R. Kingsbury, *Science* 217 (1982) : 316-324] et les substitutions de bases simples par la mutagenèse oligonucléotidique [voir S.L. McKnight et R. Kingsbury, *Cell* 37 (1984) : 253-262]. Le niveau de transcription de ces ADN mutés a été testé par injection dans des ovocytes de *Xenopus* (voir figure 21-36a). Les mutations dans les trois régions dont on montre ici les séquences ont donné une activité plus faible du promoteur; les mutations dans les régions indiquées par des lignes droites n'ont donné aucune réduction de l'efficacité de la transcription. Dans ce promoteur, les régions sensibles aux mutations comprennent deux régions riches en GC, la boîte TATA et l'homologie CCAAT. On a récemment démontré *in vitro* l'attachement aux séquences riches en GC du facteur de transcription SPI (voir figure 21-29) et celui d'un autre facteur protéique à la séquence CCAAT. [Voir K.R. Jones, K.R. Yamamoto et R. Tijan, *Cell* 42 (1985) : 559-572.]

Extrait de
"BIOLOGIE Moléculaire du gène"
Watson et al -
1989 Inter Editions 56

figure 22 -
fig 22-1

```

#####
####  ENSEMBLE DES RESONANCES BETAGLOBINE  ####
####  PONT AUTOUR BASE 25 CCAAT             ####
#####
GLOFUL
PONT AUTOUR DE REGION CCAAT
-----

```

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

3 3

LUCAS...

47 76 123 199

15 1 12 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

3 0 0 0 267 0 0 0

0 5 11 7 0 235 1125 785

0 0 0 6 0 0 0 311

GLOFULP

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

89

3

LUCAS...

47 123 199

9 17 6

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0

3 0 0 0 267 0 0 0

57.

0 5 8 19 0 235 984 2489 ←
 0 0 0 0 0 0 0 0

fig 22-2

~~~~~  
 GLOFULN1

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT  
 -----

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

8 6

LUCAS...

47 76 123

12 8 4  
 -----

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 233

6 5 0 0 432 309 0 0

0 0 23 0 0 0 1617 0

0 0 0 1 0 0 0 47  
 ~~~~~

GLOFULN11

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55

4

LUCAS...

47 76 123 199

13 1 17 5

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

1 0 0 0 55 0 0 0

0 0 15 13 0 0 1921 1447

0 0 2 6 0 0 94 311
 ~~~~~

GLOFULN12

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT  
 -----

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

4 15

LUCAS...

47 76 123

20 9 3  
 -----

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 16 0 0 0 1288

3 0 0 0 267 0 0 0

0 0 23 1 0 0 1378 123

0 0 0 8 0 0 0 492  
 ~~~~~

GLOFULN13

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

58

55 89

5 2

LUCAS...

47 76 123 199

15 1 12 1

fig 22-3

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

4 0 0 0 288 0 0 0

0 5 11 7 0 235 1125 785

0 0 0 6 0 0 0 311

~~~~~

GLOFULN14

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

## BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

4 18

LUCAS...

47 76 123

15 15 4

## SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 16 0 0 0 1288

6 0 0 0 534 0 0 0

0 5 17 2 0 235 1393 94

0 0 0 10 0 0 0 615

~~~~~

GLOFULN15

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

3 3

LUCAS...

47 76 123 199

15 1 12 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

3 0 0 0 267 0 0 0

0 5 11 7 0 235 1125 785

0 0 0 6 0 0 0 311

~~~~~

GLOFULN21

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

## BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

7 1

LUCAS...

47 76 123 199

6 2 11 1

## SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

5 0 0 0 309 0 0 0

0 0 10 3 0 0 1230 369

0 0 0 7 0 0 0 387

59

Pg 22-4

0 0 0 7 0 0 0 387

~~~~~

GLOFULN22

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

5 2

LUCAS...

47 76 123 199

12 1 12 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

4 0 0 0 288 0 0 0

0 2 11 7 0 94 1125 785

0 0 0 6 0 0 0 311

~~~~~

GLOFULN23

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

3 3

LUCAS...

47 76 123

15 9 12

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

3 0 0 0 267 0 0 0

0 5 11 6 0 235 1125 586

0 0 0 14 0 0 0 919

~~~~~

GLOFULN24

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

3 6

LUCAS...

47 76 123 199

15 1 12 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165

6 0 0 0 534 0 0 0

0 5 11 7 0 235 1125 785

0 0 0 6 0 0 0 311

~~~~~

GLOFULN25

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

3 3

60



fig 22-5

LUCAS...  
 47 76 123 199  
 15 1 12 1

---

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165  
 3 0 0 0 267 0 0 0  
 0 5 11 7 0 235 1125 785  
 0 0 0 6 0 0 0 311

~~~~~  
 GLOFULN34

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

3 3

LUCAS...

47 76 123 199

15 1 12 1

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 3 0 0 0 165
 3 0 0 0 267 0 0 0
 0 5 11 7 0 235 1125 785
 0 0 0 6 0 0 0 311

~~~~~  
 GLOMUTANT

PONT AUTOUR DE REGION CCAAT

---

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

89

3

LUCAS...

47 123 199 521

9 17 8 5

← gène "étranger"

---

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 0 0 0 0 0 0  
 3 0 0 0 267 0 0 0  
 0 5 8 26 0 235 984 5492  
 0 0 0 0 0 0 0 0

~~~~~

61

Figure 23 - *fig 23-1*

ANALYSE DES RESONANCES REGULATION POSITIF NORMAL NEGATIF
 AUTOUR BASE 150 (FRONTIERE PRECURSEUR/GENE)

V1+TRI4 F1 BILGLOFULP SI BILGLOFULP[;1]≤150

PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

V2+TRI4 F1 BILGLOFUL SI BILGLOFUL[;1]≤150

PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

V3+TRI4 F1 BILGLOFULN1 SI BILGLOFULN1[;1]≤150

PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

1 3 4 199	4 3 4 199	37 3 3 123	0 0 0 0
2 3 4 199	39 3 4 123	38 3 3 123	0 0 0 0
3 3 4 199	44 3 3 123	40 3 3 123	0 0 0 0
5 3 4 199	45 3 3 123	41 3 3 123	0 0 0 0
6 3 4 199	47 3 3 123	55 3 4 123	0 0 0 0
7 3 4 199	50 3 3 123	56 3 4 123	0 0 0 0
39 3 4 123	51 3 3 123	58 3 4 123	0 0 0 0
44 3 3 123	56 3 3 123	59 3 4 123	0 0 0 0
45 3 3 123	57 3 3 123	62 3 4 123	0 0 0 0
47 3 3 123	58 3 3 123	74 3 2 76	0 0 0 0
50 3 3 123	59 3 3 123	75 3 2 76	0 0 0 0
51 3 3 123	64 3 3 123	75 3 3 76	0 0 0 0
56 3 3 123	74 3 2 76	76 3 2 76	0 0 0 0
57 3 3 123	74 3 3 76	76 3 3 76	0 0 0 0
58 3 3 123	75 3 2 76	77 3 2 76	0 0 0 0
59 3 3 123	75 3 3 76	77 3 3 76	0 0 0 0
64 3 3 123	76 3 2 76	78 3 2 76	0 0 0 0
74 3 2 76	76 3 3 76	78 3 3 76	0 0 0 0
74 3 3 76	77 3 2 76	78 3 2 123	0 0 0 0
75 3 2 76	77 3 3 76	79 3 2 76	0 0 0 0
75 3 3 76	78 3 2 76	79 3 3 76	0 0 0 0
76 3 2 76	78 3 3 76	79 3 2 123	0 0 0 0
76 3 3 76	78 3 2 123	80 3 2 76	0 0 0 0
77 3 2 76	79 3 2 76	80 3 2 123	0 0 0 0
77 3 3 76	79 3 3 76	81 3 2 123	0 0 0 0
78 3 2 76	79 3 2 123	82 3 3 76	0 0 0 0
78 3 3 76	80 3 2 76	82 3 2 123	0 0 0 0
78 3 2 123	80 3 2 123	83 3 3 76	0 0 0 0
79 3 2 76	81 3 2 123	83 3 2 123	0 0 0 0
79 3 3 76	82 3 3 76	84 3 2 123	0 0 0 0
79 3 2 123	82 3 2 123	85 3 2 123	0 0 0 0
80 3 2 76	83 3 3 76	86 3 2 123	0 0 0 0
80 3 2 123	83 3 2 123	89 3 2 123	0 0 0 0
81 3 2 123	84 3 2 123	90 3 2 123	0 0 0 0
82 3 3 76	85 3 2 123	91 3 2 123	0 0 0 0
82 3 2 123	86 3 2 123	92 3 2 123	0 0 0 0
83 3 3 76	89 3 2 123	93 3 2 123	0 0 0 0
83 3 2 123	90 3 2 123	94 3 2 123	0 0 0 0
84 3 2 123	91 3 2 123	97 3 3 76	0 0 0 0
85 3 2 123	92 3 2 123	98 3 3 76	0 0 0 0
86 3 2 123	93 3 2 123	99 2 4 55	0 0 0 0

89	3	2	123	94	3	2	123	100	2	4	55	0	0	0	0
90	3	2	123	97	3	3	76	101	3	4	123	0	0	0	0
91	3	2	123	98	3	3	76	102	3	2	76	0	0	0	0
92	3	2	123	99	2	4	55	102	3	4	123	0	0	0	0
93	3	2	123	100	2	4	55	103	3	3	76	0	0	0	0
94	3	2	123	101	3	4	123	104	3	3	76	0	0	0	0
97	3	3	76	102	3	2	76	105	3	3	76	0	0	0	0
98	3	3	76	102	3	4	123	106	3	3	76	0	0	0	0
99	2	4	55	103	3	3	76	107	3	3	76	0	0	0	0
100	2	4	55	104	3	3	76	108	3	3	76	0	0	0	0
101	3	4	123	105	3	3	76	109	3	3	76	0	0	0	0
102	3	2	76	106	3	3	76	110	3	3	76	0	0	0	0
102	3	4	123	107	3	3	76	111	3	2	76	0	0	0	0
103	3	3	76	108	3	3	76	113	2	4	55	0	0	0	0
104	3	3	76	109	3	3	76	114	3	3	76	0	0	0	0
105	3	3	76	110	3	3	76	115	3	3	76	0	0	0	0
106	3	3	76	111	3	2	76	119	3	3	47	0	0	0	0
107	3	3	76	113	2	4	55	120	3	3	47	0	0	0	0
108	3	3	76	114	3	3	76	121	3	3	47	0	0	0	0
109	3	3	76	115	3	3	76	122	3	3	47	0	0	0	0
110	3	3	76	119	3	3	47	128	3	4	76	0	0	0	0
111	3	2	76	120	3	3	47	129	3	2	76	0	0	0	0
113	2	4	55	121	3	3	47	130	3	2	76	0	0	0	0
114	3	3	76	122	3	3	47	131	3	2	76	0	0	0	0
115	3	3	76	128	3	4	76	132	3	2	76	0	0	0	0
119	3	3	47	129	3	2	76	134	3	2	76	0	0	0	0
120	3	3	47	130	3	2	76	135	3	3	47	0	0	0	0
121	3	3	47	131	3	2	76	135	3	2	76	0	0	0	0
122	3	3	47	132	3	2	76	136	3	3	47	0	0	0	0
128	3	4	76	134	3	2	76	137	3	2	47	0	0	0	0
129	3	2	76	135	3	3	47	137	3	3	47	0	0	0	0
130	3	2	76	135	3	2	76	137	3	4	47	0	0	0	0
131	3	2	76	136	3	3	47	138	3	2	47	0	0	0	0
132	3	2	76	137	3	2	47	138	3	3	47	0	0	0	0
134	3	2	76	137	3	3	47	138	3	4	47	0	0	0	0
135	3	3	47	137	3	4	47	139	3	3	47	0	0	0	0
135	3	2	76	138	3	2	47	139	3	4	47	0	0	0	0
136	3	3	47	138	3	3	47	140	3	3	47	0	0	0	0
137	3	2	47	138	3	4	47	140	3	4	47	0	0	0	0
137	3	3	47	139	3	3	47	141	3	2	47	0	0	0	0
137	3	4	47	139	3	4	47	141	3	4	47	0	0	0	0
138	3	2	47	140	3	3	47	142	3	2	47	0	0	0	0
138	3	3	47	140	3	4	47	142	3	4	47	0	0	0	0
138	3	4	47	141	3	2	47	143	1	4	89	0	0	0	0
139	3	3	47	141	3	4	47	144	1	4	89	0	0	0	0
139	3	4	47	142	3	2	47	144	3	2	47	0	0	0	0
140	3	3	47	142	3	4	47	145	3	4	47	0	0	0	0
140	3	4	47	143	1	4	89	146	3	4	47	0	0	0	0
141	3	2	47	144	1	4	89	147	3	4	47	0	0	0	0
141	3	4	47	144	3	2	47	148	1	4	89	0	0	0	0
142	3	2	47	145	3	4	47	149	3	2	47	0	0	0	0
142	3	4	47	146	3	4	47	149	4	4	123	0	0	0	0
143	1	4	89	147	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0
144	1	4	89	148	1	4	89	0	0	0	0	0	0	0	0
144	3	2	47	149	3	2	47	0	0	0	0	0	0	0	0
145	3	4	47	149	4	4	123	0	0	0	0	0	0	0	0
146	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
147	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
148	1	4	89	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
149	3	2	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
149	4	4	123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

fig 23-2

Figure 24- fig 24-1

ANALYSE DES RESONANCES REGULATION NORMAL POSITIF NEGATIF
 V1*TRI4 F1 BILGLOFULP SI BILGLOFULP[;1]*150
 PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE
 V2*TRI4 F1 BILGLOFUL SI BILGLOFUL[;1]*150
 PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE
 V3*TRI4 F1 BILGLOFULN1 SI BILGLOFULN1[;1]*150
 PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

1	3	4	199	4	3	4	199	37	3	3	123	0	0	0	0
2	3	4	199	39	3	4	123	38	3	3	123	0	0	0	0
3	3	4	199	44	3	3	123	40	3	3	123	0	0	0	0
5	3	4	199	45	3	3	123	41	3	3	123	0	0	0	0
6	3	4	199	47	3	3	123	55	3	4	123	0	0	0	0
7	3	4	199	50	3	3	123	56	3	4	123	0	0	0	0
39	3	4	123	51	3	3	123	58	3	4	123	0	0	0	0
44	3	3	123	56	3	3	123	59	3	4	123	0	0	0	0
45	3	3	123	57	3	3	123	62	3	4	123	0	0	0	0
47	3	3	123	58	3	3	123	78	3	2	123	0	0	0	0
50	3	3	123	59	3	3	123	79	3	2	123	0	0	0	0
51	3	3	123	64	3	3	123	80	3	2	123	0	0	0	0
56	3	3	123	78	3	2	123	81	3	2	123	0	0	0	0
57	3	3	123	79	3	2	123	82	3	2	123	0	0	0	0
58	3	3	123	80	3	2	123	83	3	2	123	0	0	0	0
59	3	3	123	81	3	2	123	84	3	2	123	0	0	0	0
64	3	3	123	82	3	2	123	85	3	2	123	0	0	0	0
78	3	2	123	83	3	2	123	86	3	2	123	0	0	0	0
79	3	2	123	84	3	2	123	89	3	2	123	0	0	0	0
80	3	2	123	85	3	2	123	90	3	2	123	0	0	0	0
81	3	2	123	86	3	2	123	91	3	2	123	0	0	0	0
82	3	2	123	89	3	2	123	92	3	2	123	0	0	0	0
83	3	2	123	90	3	2	123	93	3	2	123	0	0	0	0
84	3	2	123	91	3	2	123	94	3	2	123	0	0	0	0
85	3	2	123	92	3	2	123	101	3	4	123	0	0	0	0
86	3	2	123	93	3	2	123	102	3	4	123	0	0	0	0
89	3	2	123	94	3	2	123	149	4	4	123	0	0	0	0
90	3	2	123	101	3	4	123	143	1	4	89	0	0	0	0
91	3	2	123	102	3	4	123	144	1	4	89	0	0	0	0
92	3	2	123	149	4	4	123	148	1	4	89	0	0	0	0
93	3	2	123	143	1	4	89	74	3	2	76	0	0	0	0
94	3	2	123	144	1	4	89	75	3	2	76	0	0	0	0
101	3	4	123	148	1	4	89	75	3	3	76	0	0	0	0
102	3	4	123	74	3	2	76	76	3	2	76	0	0	0	0
149	4	4	123	74	3	3	76	76	3	3	76	0	0	0	0
143	1	4	89	75	3	2	76	77	3	2	76	0	0	0	0
144	1	4	89	75	3	3	76	77	3	3	76	0	0	0	0
148	1	4	89	76	3	2	76	78	3	2	76	0	0	0	0
74	3	2	76	76	3	3	76	78	3	3	76	0	0	0	0
74	3	3	76	77	3	2	76	79	3	2	76	0	0	0	0
75	3	2	76	77	3	3	76	79	3	3	76	0	0	0	0
75	3	3	76	78	3	2	76	80	3	2	76	0	0	0	0

fig 24-2

76	3	2	76	78	3	3	76	82	3	3	76	0	0	0	0
76	3	3	76	79	3	2	76	83	3	3	76	0	0	0	0
77	3	2	76	79	3	3	76	97	3	3	76	0	0	0	0
77	3	3	76	80	3	2	76	98	3	3	76	0	0	0	0
78	3	2	76	82	3	3	76	102	3	2	76	0	0	0	0
78	3	3	76	83	3	3	76	103	3	3	76	0	0	0	0
79	3	2	76	97	3	3	76	104	3	3	76	0	0	0	0
79	3	3	76	98	3	3	76	105	3	3	76	0	0	0	0
80	3	2	76	102	3	2	76	106	3	3	76	0	0	0	0
82	3	3	76	103	3	3	76	107	3	3	76	0	0	0	0
83	3	3	76	104	3	3	76	108	3	3	76	0	0	0	0
97	3	3	76	105	3	3	76	109	3	3	76	0	0	0	0
98	3	3	76	106	3	3	76	110	3	3	76	0	0	0	0
102	3	2	76	107	3	3	76	111	3	2	76	0	0	0	0
103	3	3	76	108	3	3	76	114	3	3	76	0	0	0	0
104	3	3	76	109	3	3	76	115	3	3	76	0	0	0	0
105	3	3	76	110	3	3	76	128	3	4	76	0	0	0	0
106	3	3	76	111	3	2	76	129	3	2	76	0	0	0	0
107	3	3	76	114	3	3	76	130	3	2	76	0	0	0	0
108	3	3	76	115	3	3	76	131	3	2	76	0	0	0	0
109	3	3	76	128	3	4	76	132	3	2	76	0	0	0	0
110	3	3	76	129	3	2	76	134	3	2	76	0	0	0	0
111	3	2	76	130	3	2	76	135	3	2	76	0	0	0	0
114	3	3	76	131	3	2	76	99	2	4	55	0	0	0	0
115	3	3	76	132	3	2	76	100	2	4	55	0	0	0	0
128	3	4	76	134	3	2	76	113	2	4	55	0	0	0	0
129	3	2	76	135	3	2	76	119	3	3	47	0	0	0	0
130	3	2	76	99	2	4	55	120	3	3	47	0	0	0	0
131	3	2	76	100	2	4	55	121	3	3	47	0	0	0	0
132	3	2	76	113	2	4	55	122	3	3	47	0	0	0	0
134	3	2	76	119	3	3	47	135	3	3	47	0	0	0	0
135	3	2	76	120	3	3	47	136	3	3	47	0	0	0	0
99	2	4	55	121	3	3	47	137	3	2	47	0	0	0	0
100	2	4	55	122	3	3	47	137	3	3	47	0	0	0	0
113	2	4	55	135	3	3	47	137	3	4	47	0	0	0	0
119	3	3	47	136	3	3	47	138	3	2	47	0	0	0	0
120	3	3	47	137	3	2	47	138	3	3	47	0	0	0	0
121	3	3	47	137	3	3	47	138	3	4	47	0	0	0	0
122	3	3	47	137	3	4	47	139	3	3	47	0	0	0	0
135	3	3	47	138	3	2	47	139	3	4	47	0	0	0	0
136	3	3	47	138	3	3	47	140	3	3	47	0	0	0	0
137	3	2	47	138	3	4	47	140	3	4	47	0	0	0	0
137	3	3	47	139	3	3	47	141	3	2	47	0	0	0	0
137	3	4	47	139	3	4	47	141	3	4	47	0	0	0	0
138	3	2	47	140	3	3	47	142	3	2	47	0	0	0	0
138	3	3	47	140	3	4	47	142	3	4	47	0	0	0	0
138	3	4	47	141	3	2	47	144	3	2	47	0	0	0	0
139	3	3	47	141	3	4	47	145	3	4	47	0	0	0	0
139	3	4	47	142	3	2	47	146	3	4	47	0	0	0	0
140	3	3	47	142	3	4	47	147	3	4	47	0	0	0	0
140	3	4	47	144	3	2	47	149	3	2	47	0	0	0	0
141	3	2	47	145	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0
141	3	4	47	146	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0
142	3	2	47	147	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0
142	3	4	47	149	3	2	47	0	0	0	0	0	0	0	0
144	3	2	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
145	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
146	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
147	3	4	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
149	3	2	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Figure 26 - *fig 26-1*

ANALYSE DES RESONANCES REGULATION POSITIF NORMAL NEGATIF
AUTOUR BASE 150 (FRONTIERE PRECURSEUR/GENE)

V1*TRI4 F1 BILGLOFULP SI BILGLOFULP[;1]≤150

PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

V2*TRI4 F1 BILGLOFUL SI BILGLOFUL[;1]≤150

PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

V3*TRI4 F1 BILGLOFULP3 SI BILGLOFULP3[;1]≤150

PONT 1 ENTRE PRECURSEUR ET GENE

1 3 4 199	4 3 4 199	1 3 4 199 0 0 0 0
2 3 4 199	39 3 4 123	2 3 4 199 0 0 0 0
3 3 4 199	44 3 3 123	3 3 4 199 0 0 0 0
5 3 4 199	45 3 3 123	5 3 4 199 0 0 0 0
6 3 4 199	47 3 3 123	6 3 4 199 0 0 0 0
7 3 4 199	50 3 3 123	7 3 4 199 0 0 0 0
39 3 4 123	51 3 3 123	44 3 3 123 0 0 0 0
44 3 3 123	56 3 3 123	45 3 3 123 0 0 0 0
45 3 3 123	57 3 3 123	47 3 3 123 0 0 0 0
47 3 3 123	58 3 3 123	50 3 3 123 0 0 0 0
50 3 3 123	59 3 3 123	51 3 3 123 0 0 0 0
51 3 3 123	64 3 3 123	56 3 3 123 0 0 0 0
56 3 3 123	74 3 2 76	57 3 3 123 0 0 0 0
57 3 3 123	74 3 3 76	58 3 3 123 0 0 0 0
58 3 3 123	75 3 2 76	59 3 3 123 0 0 0 0
59 3 3 123	75 3 3 76	64 3 3 123 0 0 0 0
64 3 3 123	76 3 2 76	74 3 2 76 0 0 0 0
74 3 2 76	76 3 3 76	74 3 3 76 0 0 0 0
74 3 3 76	77 3 2 76	75 3 2 76 0 0 0 0
75 3 2 76	77 3 3 76	75 3 3 76 0 0 0 0
75 3 3 76	78 3 2 76	76 3 1 76 0 0 0 0
76 3 2 76	78 3 3 76	76 3 2 76 0 0 0 0
76 3 3 76	78 3 2 123	76 3 3 76 0 0 0 0
77 3 2 76	79 3 2 76	77 3 1 76 0 0 0 0
77 3 3 76	79 3 3 76	77 3 2 76 0 0 0 0
78 3 2 76	79 3 2 123	77 3 3 76 0 0 0 0
78 3 3 76	80 3 2 76	78 3 2 76 0 0 0 0
78 3 2 123	80 3 2 123	78 3 3 76 0 0 0 0
79 3 2 76	81 3 2 123	78 3 2 123 0 0 0 0
79 3 3 76	82 3 3 76	79 3 1 76 0 0 0 0
79 3 2 123	82 3 2 123	79 3 2 76 0 0 0 0
80 3 2 76	83 3 3 76	79 3 3 76 0 0 0 0
80 3 2 123	83 3 2 123	79 3 2 123 0 0 0 0
81 3 2 123	84 3 2 123	80 3 1 76 0 0 0 0
82 3 3 76	85 3 2 123	80 3 2 76 0 0 0 0
82 3 2 123	86 3 2 123	80 3 2 123 0 0 0 0
83 3 3 76	89 3 2 123	81 3 1 76 0 0 0 0
83 3 2 123	90 3 2 123	81 3 2 123 0 0 0 0
84 3 2 123	91 3 2 123	82 3 1 76 0 0 0 0
85 3 2 123	92 3 2 123	82 3 3 76 0 0 0 0
86 3 2 123	93 3 2 123	82 3 2 123 0 0 0 0
89 3 2 123	94 3 2 123	83 3 3 76 0 0 0 0
90 3 2 123	97 3 3 76	83 3 2 123 0 0 0 0
91 3 2 123	98 3 3 76	84 3 2 123 0 0 0 0
92 3 2 123	99 2 4 55	85 3 1 76 0 0 0 0
93 3 2 123	100 2 4 55	85 3 2 123 0 0 0 0
94 3 2 123	101 3 4 123	86 3 1 76 0 0 0 0
97 3 3 76	102 3 2 76	86 3 2 123 0 0 0 0
98 3 3 76	102 3 4 123	87 3 1 76 0 0 0 0

99	2	4	55	103	3	3	76	89	3	1	76	0	0	0	0
100	2	4	55	104	3	3	76	89	3	2	123	0	0	0	0
101	3	4	123	105	3	3	76	90	3	1	76	0	0	0	0
102	3	2	76	106	3	3	76	90	3	2	123	0	0	0	0
102	3	4	123	107	3	3	76	91	3	1	76	0	0	0	0
103	3	3	76	108	3	3	76	91	3	2	123	0	0	0	0
104	3	3	76	109	3	3	76	92	3	1	76	0	0	0	0
105	3	3	76	110	3	3	76	92	3	2	123	0	0	0	0
106	3	3	76	111	3	2	76	93	3	2	123	0	0	0	0
107	3	3	76	113	2	4	55	94	3	2	123	0	0	0	0
108	3	3	76	114	3	3	76	97	3	3	76	0	0	0	0
109	3	3	76	115	3	3	76	98	3	3	76	0	0	0	0
110	3	3	76	119	3	3	47	101	2	4	55	0	0	0	0
111	3	2	76	120	3	3	47	102	2	4	55	0	0	0	0
113	2	4	55	121	3	3	47	102	3	2	76	0	0	0	0
114	3	3	76	122	3	3	47	103	2	4	55	0	0	0	0
115	3	3	76	128	3	4	76	103	3	1	47	0	0	0	0
119	3	3	47	129	3	2	76	103	3	3	76	0	0	0	0
120	3	3	47	130	3	2	76	103	3	4	123	0	0	0	0
121	3	3	47	131	3	2	76	104	2	4	55	0	0	0	0
122	3	3	47	132	3	2	76	104	3	3	76	0	0	0	0
128	3	4	76	134	3	2	76	105	2	4	55	0	0	0	0
129	3	2	76	135	3	3	47	105	3	3	76	0	0	0	0
130	3	2	76	135	3	2	76	106	2	4	55	0	0	0	0
131	3	2	76	136	3	3	47	106	3	3	76	0	0	0	0
132	3	2	76	137	3	2	47	107	3	3	76	0	0	0	0
134	3	2	76	137	3	3	47	108	3	3	76	0	0	0	0
135	3	3	47	137	3	4	47	109	3	3	76	0	0	0	0
135	3	2	76	138	3	2	47	110	3	3	76	0	0	0	0
136	3	3	47	138	3	3	47	111	3	2	76	0	0	0	0
137	3	2	47	138	3	4	47	113	2	4	55	0	0	0	0
137	3	3	47	139	3	3	47	114	3	3	76	0	0	0	0
137	3	4	47	139	3	4	47	115	3	3	76	0	0	0	0
138	3	2	47	140	3	3	47	119	3	3	47	0	0	0	0
138	3	3	47	140	3	4	47	120	3	3	47	0	0	0	0
138	3	4	47	141	3	2	47	121	3	3	47	0	0	0	0
139	3	3	47	141	3	4	47	122	3	3	47	0	0	0	0
139	3	4	47	142	3	2	47	128	3	4	76	0	0	0	0
140	3	3	47	142	3	4	47	129	3	2	76	0	0	0	0
140	3	4	47	143	1	4	89	130	3	2	76	0	0	0	0
141	3	2	47	144	1	4	89	131	3	2	76	0	0	0	0
141	3	4	47	144	3	2	47	132	3	2	76	0	0	0	0
142	3	2	47	145	3	4	47	134	3	2	76	0	0	0	0
142	3	4	47	146	3	4	47	135	3	3	47	0	0	0	0
143	1	4	89	147	3	4	47	135	3	2	76	0	0	0	0
144	1	4	89	148	1	4	89	136	3	3	47	0	0	0	0
144	3	2	47	149	3	2	47	137	3	2	47	0	0	0	0
145	3	4	47	149	4	4	123	137	3	3	47	0	0	0	0
146	3	4	47	0	0	0	0	137	3	4	47	0	0	0	0
147	3	4	47	0	0	0	0	138	3	2	47	0	0	0	0
148	1	4	89	0	0	0	0	138	3	3	47	0	0	0	0
149	3	2	47	0	0	0	0	138	3	4	47	0	0	0	0
149	4	4	123	0	0	0	0	139	3	3	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	139	3	4	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	140	3	3	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	140	3	4	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	141	3	2	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	141	3	4	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	142	3	2	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	142	3	4	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	143	1	4	89	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	144	1	4	89	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	144	3	2	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	145	3	4	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	146	3	4	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	147	3	4	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	148	1	4	89	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	149	3	2	47	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	149	4	4	123	0	0	0	0

Fig. 26/2

Figure 27 - Pg 27-1

COMPARAISON DES SAUTS DE RESONANCES DE TYPE 3 1 (LFF T) ENTRE:

BETAGLOBINE ET TGF PRECURSEUR + VECTEUR CAT

... COMPLET A GAUCHE ... ET TGF BETA1 + CAT A DROITE...

BETAGLOBINE

62	3	1	47	1	3	1	47
62	3	1	76	4	3	1	47
63	3	1	76	7	3	1	47
64	3	1	76	10	3	1	47
65	3	1	76	13	3	1	47
66	3	1	76	25	3	1	47
67	3	1	76	28	3	1	47
68	3	1	76	151	3	1	76
69	3	1	76	172	3	1	47
70	3	1	76	175	3	1	47
73	3	1	47	175	3	1	76
96	3	1	47	178	3	1	76
97	3	1	47	181	3	1	123
98	3	1	47	187	3	1	123
175	3	1	123	190	3	1	76
176	3	1	123	193	3	1	76
177	3	1	123	196	3	1	76
183	3	1	123	205	3	1	123
184	3	1	123	208	3	1	47
192	3	1	123	214	3	1	76
193	3	1	123	217	3	1	47
194	3	1	123	238	3	1	76
195	3	1	123	241	3	1	76
204	3	1	123	244	3	1	76
205	3	1	123	247	3	1	76
209	3	1	123	259	3	1	47
210	3	1	76	265	3	1	47
210	3	1	123	274	3	1	47
211	3	1	123	652	3	1	76
215	3	1	47	658	3	1	47
216	3	1	76	661	3	1	47
217	3	1	76	661	3	1	123
219	3	1	123	664	3	1	47
220	3	1	123	664	3	1	123
225	3	1	76	670	3	1	123
226	3	1	76	670	3	1	199
228	3	1	76	673	3	1	123
229	3	1	76	673	3	1	199
232	3	1	47	673	3	1	322
233	3	1	47	688	3	1	47
234	3	1	47	691	3	1	47
235	3	1	47	691	3	1	76
236	3	1	47	694	3	1	47
237	3	1	47	694	3	1	76
238	3	1	47	697	3	1	47
242	3	1	123	697	3	1	76
245	3	1	123	706	3	1	47
248	3	1	123	709	3	1	76
251	3	1	123	712	3	1	76
252	3	1	123	718	3	1	322
253	3	1	123	721	3	1	47
254	3	1	123	721	3	1	322
255	3	1	123	724	3	1	47
258	3	1	123	793	3	1	76
259	3	1	123	796	3	1	76
260	3	1	123	796	3	1	199
261	3	1	76	799	3	1	76

↖
↙

Vides 1

←

Vide 2.

69

263	3	1	76	799	3	1	199
264	3	1	76	802	3	1	76
265	3	1	76	802	3	1	199
272	3	1	123	805	3	1	47
273	3	1	123	805	3	1	76
274	3	1	76	805	3	1	199
279	3	1	47	808	3	1	47
283	3	1	47	808	3	1	76
284	3	1	47	811	3	1	47
286	3	1	47	811	3	1	76
397	3	1	322	814	3	1	76
436	3	1	199	823	3	1	199
437	3	1	199	832	3	1	123
444	3	1	47	835	3	1	47
445	3	1	47	838	3	1	47
447	3	1	47	838	3	1	123
448	3	1	47	841	3	1	123
449	3	1	47	850	3	1	123
458	3	1	47	853	3	1	123
461	3	1	47	856	3	1	123
462	3	1	47	856	3	1	199
463	3	1	47	859	3	1	199
464	3	1	47	862	3	1	123
465	3	1	47	871	3	1	123
466	3	1	47	880	3	1	123
467	3	1	199	883	3	1	76
471	3	1	47	883	3	1	123
472	3	1	47	889	3	1	47
473	3	1	47	892	3	1	47
474	3	1	47	895	3	1	47
475	3	1	47	901	3	1	199
476	3	1	47	904	3	1	199
477	3	1	47	937	3	1	47
478	3	1	47	937	3	1	76
494	3	1	199	961	3	1	47
499	3	1	123	964	3	1	47
501	3	1	123	976	3	1	47
502	3	1	123	979	3	1	47
503	3	1	123	979	3	1	76
504	3	1	123	982	3	1	47
510	3	1	123	1309	3	1	521
533	3	1	76	1339	3	1	322
537	3	1	76	1342	3	1	322
538	3	1	76	1345	3	1	322
539	3	1	76	1348	3	1	322
556	3	1	47	1351	3	1	322
557	3	1	47	1354	3	1	199
558	3	1	47	1360	3	1	199
561	3	1	47	1390	3	1	47
567	3	1	47	1396	3	1	47
568	3	1	47	1399	3	1	47
633	3	1	47	1408	3	1	123
634	3	1	47	1411	3	1	76
634	3	1	76	1414	3	1	76
635	3	1	47	1441	3	1	47
636	3	1	47	1447	3	1	47
639	3	1	76	1447	3	1	76
640	3	1	76	1450	3	1	76
648	3	1	47	1453	3	1	47
649	3	1	47	1456	3	1	47
652	3	1	47	1465	3	1	76
653	3	1	47	1468	3	1	47
655	3	1	47	1471	3	1	47
656	3	1	47	1474	3	1	76

← side 2

fig. 27-2

660	3	1	47	1480	3	1	47
661	3	1	47	1489	3	1	123
662	3	1	47	1495	3	1	47
663	3	1	47	1495	3	1	123
664	3	1	47	1498	3	1	123
665	3	1	47	1501	3	1	47
0	0	0	0	1504	3	1	47
0	0	0	0	1504	3	1	123
0	0	0	0	1507	3	1	76
0	0	0	0	1510	3	1	76
0	0	0	0	1510	3	1	199
0	0	0	0	1513	3	1	76
0	0	0	0	1513	3	1	123
0	0	0	0	1516	3	1	123
0	0	0	0	1519	3	1	123
0	0	0	0	1540	3	1	76
0	0	0	0	1543	3	1	76
0	0	0	0	1549	3	1	76
0	0	0	0	1552	3	1	123
0	0	0	0	1555	3	1	47
0	0	0	0	1558	3	1	47
0	0	0	0	1564	3	1	199
0	0	0	0	1570	3	1	76
0	0	0	0	1570	3	1	199
0	0	0	0	1573	3	1	76
0	0	0	0	1576	3	1	76
0	0	0	0	1582	3	1	123
0	0	0	0	1591	3	1	76
0	0	0	0	1591	3	1	123
0	0	0	0	1594	3	1	123
0	0	0	0	1597	3	1	123
0	0	0	0	1603	3	1	47
0	0	0	0	1606	3	1	47
0	0	0	0	1648	3	1	123
0	0	0	0	1657	3	1	76
0	0	0	0	1657	3	1	123
0	0	0	0	1660	3	1	123
0	0	0	0	1663	3	1	76
0	0	0	0	1666	3	1	47
0	0	0	0	1669	3	1	47
0	0	0	0	1672	3	1	47
0	0	0	0	1684	3	1	47
0	0	0	0	1684	3	1	76
0	0	0	0	1690	3	1	47
0	0	0	0	1693	3	1	47
0	0	0	0	1696	3	1	47
0	0	0	0	1696	3	1	76
0	0	0	0	1699	3	1	47
0	0	0	0	1720	3	1	47
0	0	0	0	1738	3	1	47
0	0	0	0	1804	3	1	123
0	0	0	0	1816	3	1	123
0	0	0	0	1819	3	1	123
0	0	0	0	1822	3	1	123
0	0	0	0	1825	3	1	123
0	0	0	0	1825	3	1	199
0	0	0	0	1828	3	1	199
0	0	0	0	1834	3	1	123
0	0	0	0	1840	3	1	123
0	0	0	0	1843	3	1	123
0	0	0	0	1852	3	1	123
0	0	0	0	1855	3	1	123
0	0	0	0	1858	3	1	123
0	0	0	0	1861	3	1	47
0	0	0	0	1864	3	1	47
0	0	0	0	1864	3	1	123
0	0	0	0	1867	3	1	47
0	0	0	0	1870	3	1	123
0	0	0	0	1873	3	1	123
0	0	0	0	1876	3	1	123
0	0	0	0	1879	3	1	123
0	0	0	0	1882	3	1	123
0	0	0	0	1894	3	1	76
0	0	0	0	1912	3	1	47
0	0	0	0	1948	3	1	76
0	0	0	0	1963	3	1	47
0	0	0	0	1966	3	1	47

fig 27-3

(extraire de GENBANK)

Figure 28

SOURCE Plasmid pT13SNco.
 ORGANISM Artificial gene
 Artificial sequences; Genes.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 223)
 AUTHORS Tonouchi, N., Oouchi, N., Kashima, N., Kawai, M., Nagase, K., Okano, A.,
 Matsui, H., Yamada, K., Hirano, T. and Kishimoto, T.
 TITLE High-level expression of human BSF-2/IL-6 cDNA in Escherichia coli
 using a new type of expression-preparation system
 JOURNAL J. Biochem. 104, 30-34 (1988)
 STANDARD full staff entry
 COMMENT pT13SNco was constructed from pT9-11 by replacement of the
 HpaI-XbaI fragment with synthetic DNA which was designed so that
 codons could be changed without any change in the coded amino acid
 in order to possess many restriction sites. The expression level of
 human IL-2 in pT13SNco was similar to that for pT9-11, suggesting
 that the third letters of each codon are not so important for
 transcription-translation efficiency.
 FEATURES Location/Qualifiers
 .PE1 CDS 42..>223
 /note="human IL-2"
 /codon start=1
 /translation="MAPTSSSTKKTQLQLEHLLLDLQMLNGINNYKNPKLTRMLTFK
 FYMPKKATELKHLOCL"
 BASE COUNT 77 a 47 c 43 g 56 t
 ORIGIN HpaI site.

Name: SYNT13SNCO Length: 223
 Subsequence names and qualifiers:
 SYNT13SNCO:PE1 CDS /note="human IL-2" /codon start=1 /translation="MAPTSSSTKKTQ

```

      10      20      30      40      50
              M A P
aactagtagc caagttcacg taaaaagggt atcgataagc catggcacct
              >SYNT13SNCO.PE1

      60      70      80      90     100
      T S S S T K K T Q L Q L E H L L L
acctcqaqta qtactaaqaa aacacagctq caqctaqaqc atctqctqct

     110     120     130     140     150
      D L Q M I L N G I N N Y K N P K L
agatctccag atgattttga atggaattaa taattacaag aatcccaagc

     160     170     180     190     200
      T R M L T F K F Y M P K K A T E
ttacgcgtat gttaacattt aaattttaca tgccaaagaa ggccacagag

     210     220     230
      L K H L Q C L
ctcaaqaatc ttcaagtgtct aqa
              SYNT13SNCO.PE1<

```

72

1	ATGGCACCTA	CTTCAAGTTC	TACAAAGAAA	ACACAGCTAC	AGCTACAGCA	TTTACTGCTG
51	GATTTCACAGA	TGATTTTGAA	TGGAATTAAT	AATTACAAGA	ATCCCAAAC	CACCAGGATG
101	CTCACATTTA	AGTTTTACAT	GCCCAAGAAG	GCCACAGAAC	TGAAACATCT	TCAGTGTCTA
151						

1	ATGGCACCTA	CCTCGAGTAG	TACTAAGAAA	ACACAGCTGC	AGCTAGAGCA	TCTGCTGCTA
51	GATCTCCAGA	TGATTTTGA	TGGAATTAAT	AATTACAAGA	ATCCCAAGCT	TACGCGTATG
101	TTAACATTTA	AATTTTACAT	GCCTAAGAAG	GCCACAGAGC	TCAAGCATCT	TCAGTGTCTA
151						

LES ACIDES AMINES DE CES 2 GENES SONT IDENTIQUES...

MET ALA PRO THR SER SER SER THR LYS LYS THR GLN LEU GLN
LEU GLU HIS LEU LEU LEU ASP LEU GLN MET ILE LEU ASN GL
Y ILE ASN ASN TYR LYS ASN PRO LYS LEU THR ARG MET LEU T
HR PHE LYS PHE TYR MET PRO LYS LYS ALA THR GLU LEU LYS
HIS LEU GLN CYS LEU

Figure 30 - fig 30-1

```

***** TOUTES RESONANCES *****
***** ILK6 PT911FUL ET PT13SNCOFUL *****
***** MUTANTS PT911MFUL ET PT13SNCOMFUL *****
VISUALISE LES PONTS A CHEVAL SUR BASE 37/41 (JOINT PRECURSEUR/GENE)
*****
COMPARE (PRECURSEUR + GENE PT911 VRAI) ET (PT13SNCO)
      GENE REEL BILPT911FUL

```

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89 144

12 5 23

LUCAS . . .

47 76 123

14 8 11

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 26 0 0 0 2846 0

0 0 0 14 0 0 0 1571

1 8 0 0 76 376 . 0 0

0 0 24 0 0 0 2167 0

_____ GENE MUTE BILPT13SNCOFUL

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55

4

LUCAS...

47 76

9 9

SYNTHÈSE VENTILÉE PAR TYPES DE RÉSONANCES ET DE BASES

0	0	3	0	0	0	165	0
---	---	---	---	---	---	-----	---

1	0	0	0	55	0	0	0
---	---	---	---	----	---	---	---

0 15 0 0 0 937 0 0

0 0 3 0 0 0 170 0

▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽▽

DETAIL RESONANCES PONTS

1 1 3 89 1 4 3 76

log 30-2

2	1	3	89	8	3	2	47
2	1	3	144	16	1	3	55
3	1	3	89	18	1	3	55
3	1	3	144	23	1	3	55
4	1	3	89	29	4	3	47
4	1	3	144	30	4	3	47
5	1	3	144	31	3	2	47
5	4	3	76	31	3	2	76
6	1	3	144	32	3	2	47
7	1	3	144	33	3	2	76
8	1	3	144	34	3	2	47
9	1	3	144	34	3	2	76
10	1	3	55	35	3	2	47
10	1	3	144	35	3	2	76
11	4	3	123	36	2	1	55
12	1	3	144	36	3	2	47
12	4	3	123	36	3	2	76
13	4	3	76	37	3	2	76
14	4	3	76	38	3	2	76
14	4	3	123	39	3	2	76
16	4	3	47	40	3	2	47
17	1	3	144	0	0	0	0
17	4	3	47	0	0	0	0
18	4	3	47	0	0	0	0
18	4	3	76	0	0	0	0
18	4	3	123	0	0	0	0
19	1	3	144	0	0	0	0
19	4	3	76	0	0	0	0
19	4	3	123	0	0	0	0
20	1	3	144	0	0	0	0
20	4	3	76	0	0	0	0
21	1	3	89	0	0	0	0
21	1	3	144	0	0	0	0
21	4	3	76	0	0	0	0
24	4	3	123	0	0	0	0
25	1	3	55	0	0	0	0
26	4	3	47	0	0	0	0
27	1	3	55	0	0	0	0
27	4	3	47	0	0	0	0
28	1	3	55	0	0	0	0
28	2	4	55	0	0	0	0
28	4	3	47	0	0	0	0
29	2	4	144	0	0	0	0
29	4	3	123	0	0	0	0
30	2	4	55	0	0	0	0
30	2	4	144	0	0	0	0
30	3	2	47	0	0	0	0
30	4	3	123	0	0	0	0
31	1	3	55	0	0	0	0
31	2	4	55	0	0	0	0
31	2	4	144	0	0	0	0
31	3	2	47	0	0	0	0
32	2	4	55	0	0	0	0
32	2	4	144	0	0	0	0
32	3	2	47	0	0	0	0
32	4	3	123	0	0	0	0
33	2	4	55	0	0	0	0
33	2	4	144	0	0	0	0
33	3	2	47	0	0	0	0
33	4	3	123	0	0	0	0

000

1	1	3	89	15	1	3	55
2	1	3	89	24	1	3	55
2	1	3	144	25	1	3	55
3	1	3	89	27	1	3	55
3	1	3	144	28	1	3	55
4	1	3	89	29	1	3	55
4	1	3	144	29	2	4	55
5	1	3	144	30	1	3	55
5	4	3	76	30	2	4	55
6	1	3	144	31	1	3	55
7	1	3	144	31	2	4	55
8	1	3	144	32	1	3	55
9	1	3	144	32	2	4	55

fig 30-4

10	1	3	55	33	2	4	55
10	1	3	144	34	2	4	55
11	4	3	123	35	1	3	55
12	1	3	144	35	2	4	55
12	4	3	123	36	2	4	55
13	4	3	76	37	1	3	55
14	4	3	76	37	2	4	55
14	4	3	123	1	1	3	89
16	4	3	47	2	1	3	89
17	1	3	144	3	1	3	89
17	4	3	47	4	1	3	89
18	4	3	47	6	1	3	89
18	4	3	76	7	1	3	89
18	4	3	123	4	1	3	144
19	1	3	144	5	1	3	144
19	4	3	76	6	1	3	144
19	4	3	123	7	1	3	144
20	1	3	144	9	1	3	144
20	4	3	76	10	1	3	144
21	1	3	89	11	1	3	144
21	1	3	144	12	1	3	144
21	4	3	76	15	1	3	144
24	4	3	123	16	1	3	144
25	1	3	55	17	1	3	144
26	4	3	47	21	1	3	144
27	1	3	55	34	2	4	144
27	4	3	47	35	2	4	144
28	1	3	55	36	2	4	144
28	2	4	55	37	2	4	144
28	4	3	47	20	4	3	47
29	2	4	144	21	4	3	47
29	4	3	123	22	4	3	47
30	2	4	55	23	4	3	47
30	2	4	144	24	4	3	47
30	3	2	47	25	4	3	47
30	4	3	123	27	4	3	47
31	1	3	55	28	4	3	47
31	2	4	55	31	3	2	47
31	2	4	144	31	4	3	47
31	3	2	47	32	3	2	47
32	2	4	55	32	4	3	47
32	2	4	144	34	3	2	47
32	3	2	47	35	3	2	47
32	4	3	123	36	3	2	47
33	2	4	55	37	4	3	47
33	2	4	144	2	4	3	76
33	3	2	47	3	4	3	76
33	4	3	123	5	4	3	76
34	2	4	144	8	4	3	76
34	3	2	47	9	4	3	76
34	4	3	123	13	4	3	76
35	1	3	55	14	4	3	76
35	2	4	144	18	4	3	76
35	3	2	47	22	4	3	76
36	2	4	144	12	3	1	123
36	3	2	47	13	3	1	123
37	1	3	55	14	3	1	123
37	2	4	144	16	4	3	123
37	3	2	47	17	4	3	123
37	3	1	76	18	4	3	123

000

GENE REEL BILPT911FUL

14 8 11

0 0 24 0 0 0 2167 0

GENE CHIMERE BILPT13SNCOMFUL

12 6

0 0 4 0 0 0 217 0

13 4 3 76 41 3 2 47

50. + 2692594

0	0	69	0	0	0	6145	0
0	7	0	77	0	385	0	6514
37	27	3	0	2923	1530	141	0
3	0	79	0	141	0	5810	0

PT13SNCO

FIBONACCI...

0	0	23	0	0	0	1503	0
1	20	0	30	55	1100	0	2126
37	23	5	0	2583	1313	235	0
0	0	39	0	0	0	2268	0

DETAIL TRIE:.. PT911 COTACOTE PT13SNCO

1	1	3	89	1	4	3	76
2	1	3	89	8	3	2	47
2	1	3	144	16	1	3	55
3	1	3	89	18	1	3	55
3	1	3	144	23	1	3	55
4	1	3	89	29	4	3	47
4	1	3	144	30	4	3	47
5	1	3	144	31	3	2	47
5	4	3	76	31	3	2	76
6	1	3	144	32	3	2	47
7	1	3	144	33	3	2	76
8	1	3	144	34	3	2	47
9	1	3	144	34	3	2	76
10	1	3	55	35	3	2	47
10	1	3	144	35	3	2	76
11	4	3	123	36	2	1	55
12	1	3	144	36	3	2	47
12	4	3	123	36	3	2	76
13	4	3	76	37	3	2	76
14	4	3	76	38	3	2	76
14	4	3	123	39	3	2	76
16	4	3	47	40	3	2	47

17	1	3	144	43	3	2	47
17	4	3	47	44	3	2	47
18	4	3	47	45	3	2	47
18	4	3	76	46	3	2	47
18	4	3	123	47	3	2	47
19	1	3	144	47	3	1	123
19	4	3	76	48	3	1	123
19	4	3	123	49	3	1	123
20	1	3	144	51	3	1	123
20	4	3	76	58	3	1	76
21	1	3	89	59	1	3	89
21	1	3	144	59	3	1	76
21	4	3	76	60	3	1	76
24	4	3	123	61	3	2	47
25	1	3	55	61	3	1	76
26	4	3	47	62	3	2	47
27	1	3	55	63	3	2	47
27	4	3	47	65	4	3	76
28	1	3	55	66	4	3	76
28	2	4	55	70	3	3	47
28	4	3	47	71	3	1	47
29	2	4	144	72	3	1	47
29	4	3	123	73	3	1	47
30	2	4	55	74	3	1	47
30	2	4	144	75	3	1	76
30	3	2	47	79	3	1	47
30	4	3	123	79	3	3	47
31	1	3	55	79	3	1	76
31	2	4	55	80	3	3	47
31	2	4	144	80	3	1	76
31	3	2	47	81	2	2	55
32	2	4	55	81	3	3	47
32	2	4	144	81	3	1	76
32	3	2	47	82	3	3	47
32	4	3	123	84	2	2	55
33	2	4	55	85	2	2	55
33	2	4	144	85	3	1	123
33	3	2	47	86	2	2	55
33	4	3	123	87	2	2	55
34	2	4	144	88	2	2	55
34	3	2	47	89	2	4	89
34	4	3	123	90	2	4	89
35	1	3	55	91	2	4	89
35	2	4	144	92	2	4	89
35	3	2	47	95	2	4	89
36	2	4	144	95	4	3	47
36	3	2	47	96	2	4	89
37	1	3	55	96	4	3	47
37	2	4	144	97	2	4	89
37	3	2	47	97	4	3	47
37	3	1	76	98	1	3	55
38	2	4	144	98	2	4	55
38	3	2	47	98	4	3	47
38	4	3	47	99	1	3	55
39	2	4	55	99	2	4	55
39	2	4	144	99	2	4	89
39	4	3	47	99	4	3	47
39	3	1	76	100	1	3	55
40	2	4	144	100	2	4	89
40	3	1	76	101	2	4	89

fig 30-9 2692594

41	2	4	89	102	2	4	89
41	3	1	76	103	4	3	47
42	2	4	89	104	4	3	47
42	3	2	47	105	4	3	47
43	2	4	55	107	2	2	55
43	2	4	89	108	1	3	89
43	2	4	144	109	4	3	47
43	3	2	47	110	1	3	55
43	4	3	47	110	1	3	89
43	3	1	123	110	4	3	47
44	2	4	55	111	2	2	55
44	2	4	89	112	1	3	55
44	3	1	123	112	2	2	55
45	2	4	55	112	4	3	47
45	1	3	89	113	1	3	55
45	2	4	89	113	2	2	55
45	3	1	123	113	2	4	55
45	4	3	123	113	4	3	47
46	2	4	55	113	4	3	76
46	2	4	89	114	2	2	55
46	3	1	76	114	2	4	55
46	4	3	123	114	4	3	76
47	2	4	55	115	2	2	55
47	1	3	89	115	2	4	55
47	4	3	47	115	4	3	76
47	3	1	123	116	1	3	55
48	2	4	55	116	2	2	55
48	4	3	47	116	2	4	55
49	2	4	55	116	1	3	89
49	4	3	47	116	4	3	76
50	1	3	55	117	2	2	55
50	2	4	55	117	2	4	55
50	4	3	47	117	1	3	89
50	3	1	76	117	4	3	47
50	4	3	76	117	4	3	76
51	1	3	55	118	2	2	55
51	1	3	144	118	2	4	55
51	4	3	47	118	1	3	89
51	4	3	76	118	3	1	47
51	4	3	123	118	4	3	76
52	1	3	55	119	2	2	55
52	1	3	144	119	3	1	47
52	4	3	47	120	2	2	55
52	4	3	76	120	1	3	89
53	1	3	89	120	3	1	47
53	4	3	76	120	4	3	76
54	2	4	89	121	1	3	55
54	4	3	76	121	2	2	55
55	1	3	55	121	4	3	47
55	2	4	89	121	4	3	76
55	4	3	76	122	1	3	55
56	1	3	55	122	2	2	55
56	2	4	89	122	4	3	47
56	1	3	144	122	3	1	76
56	4	3	47	122	4	3	76
56	3	1	123	123	2	2	55
57	1	3	55	123	2	4	89
57	2	4	89	123	4	3	47
57	4	3	47	123	3	1	76
57	3	1	123	124	3	1	76

log 30-10

58	1	3	55	125	3	1	76
58	2	4	89	125	4	3	76
58	3	1	76	126	1	3	55
59	2	4	89	126	2	4	89
59	4	3	47	127	1	3	55
59	3	1	76	127	2	4	89
60	2	4	89	127	3	1	76
60	3	1	76	128	1	3	55
60	4	3	123	128	4	3	76
61	2	4	89	129	4	3	47
61	4	3	47	129	4	3	76
61	3	1	76	131	4	3	47
62	2	4	89	135	1	3	55
62	1	3	144	136	2	4	55
62	3	1	76	140	2	4	55
63	2	4	89	140	3	1	76
64	2	4	89	141	2	4	55
65	1	3	89	141	3	1	76
65	3	1	47	142	2	4	55
65	4	3	76	143	3	1	76
66	1	3	89	152	3	1	47
68	3	3	47	153	3	1	47
69	4	3	76	154	3	1	47
71	2	2	55	157	2	4	55
72	2	2	55	158	2	4	55
72	3	3	47	158	3	1	47
73	2	2	55	158	4	3	47
73	3	3	47	159	2	4	55
79	2	4	89	159	3	1	47
80	4	1	47	161	2	4	55
83	1	3	55	161	4	3	47
83	4	1	47	162	4	3	47
84	3	1	123	163	4	3	47
85	2	4	89	165	3	1	47
86	2	4	89	166	3	1	47
87	2	4	89	167	3	1	47
88	2	4	89	0	0	0	0
88	4	1	47	0	0	0	0
88	3	1	123	0	0	0	0
89	1	3	55	0	0	0	0
89	3	1	123	0	0	0	0
90	4	3	47	0	0	0	0
91	1	3	55	0	0	0	0
91	2	2	55	0	0	0	0
91	4	3	47	0	0	0	0
91	3	1	123	0	0	0	0
92	1	3	55	0	0	0	0
92	4	3	47	0	0	0	0
92	3	1	123	0	0	0	0
93	1	3	55	0	0	0	0
93	2	2	55	0	0	0	0
93	4	3	47	0	0	0	0
94	2	2	55	0	0	0	0
94	2	4	55	0	0	0	0
94	2	4	89	0	0	0	0
94	4	3	47	0	0	0	0
95	2	2	55	0	0	0	0
95	2	4	55	0	0	0	0
95	4	3	47	0	0	0	0
96	2	4	55	0	0	0	0

fig 30-11

97	1	3	89	0	0	0	0
97	2	4	89	0	0	0	0
98	1	3	89	0	0	0	0
98	2	4	89	0	0	0	0
98	4	3	76	0	0	0	0
99	2	4	55	0	0	0	0
100	2	4	55	0	0	0	0
100	4	3	76	0	0	0	0
101	2	4	55	0	0	0	0
101	4	3	76	0	0	0	0
102	1	3	89	0	0	0	0
102	3	1	47	0	0	0	0
102	4	3	76	0	0	0	0
103	3	1	47	0	0	0	0
104	1	3	89	0	0	0	0
104	3	1	47	0	0	0	0
105	1	3	55	0	0	0	0
105	3	1	47	0	0	0	0
106	2	4	55	0	0	0	0
106	1	3	89	0	0	0	0
106	3	1	47	0	0	0	0
107	1	3	55	0	0	0	0
107	2	4	55	0	0	0	0
107	1	3	89	0	0	0	0
107	3	1	47	0	0	0	0
108	2	4	55	0	0	0	0
108	1	3	89	0	0	0	0
109	1	3	89	0	0	0	0
109	2	4	89	0	0	0	0
109	3	1	47	0	0	0	0
109	4	3	76	0	0	0	0
110	1	3	55	0	0	0	0
110	3	1	47	0	0	0	0
110	4	3	76	0	0	0	0
111	1	3	55	0	0	0	0
111	1	3	89	0	0	0	0
111	3	1	76	0	0	0	0
111	4	3	76	0	0	0	0
112	4	3	76	0	0	0	0
113	4	3	76	0	0	0	0
114	2	4	55	0	0	0	0
114	4	3	76	0	0	0	0
115	2	4	89	0	0	0	0
116	2	4	89	0	0	0	0
116	4	3	76	0	0	0	0
117	1	3	55	0	0	0	0
117	2	4	89	0	0	0	0
117	4	3	76	0	0	0	0
118	1	3	55	0	0	0	0
118	2	4	89	0	0	0	0
118	4	3	76	0	0	0	0
122	1	3	55	0	0	0	0
122	1	3	89	0	0	0	0
122	4	3	76	0	0	0	0
123	1	3	55	0	0	0	0
123	1	3	89	0	0	0	0
123	4	3	76	0	0	0	0
124	1	3	55	0	0	0	0
124	1	3	89	0	0	0	0
124	2	4	89	0	0	0	0
125	2	4	89	0	0	0	0
125	3	1	47	0	0	0	0
125	4	3	47	0	0	0	0
126	2	4	89	0	0	0	0
127	3	1	47	0	0	0	0
127	4	3	47	0	0	0	0
128	3	1	47	0	0	0	0
129	3	1	47	0	0	0	0

129 4 3 76 0 0 0 0
 130 3 1 47 0 0 0 0
 130 3 2 76 0 0 0 0
 130 4 3 76 0 0 0 0
 131 1 3 55 0 0 0 0
 131 3 2 76 0 0 0 0
 131 4 3 76 0 0 0 0
 132 2 4 55 0 0 0 0
 132 3 2 47 0 0 0 0
 132 3 2 76 0 0 0 0
 133 3 2 47 0 0 0 0
 133 3 2 76 0 0 0 0
 134 3 2 76 0 0 0 0
 135 3 2 76 0 0 0 0
 136 2 4 55 0 0 0 0
 136 3 2 76 0 0 0 0
 137 2 4 55 0 0 0 0
 137 3 2 76 0 0 0 0
 138 2 4 55 0 0 0 0
 138 3 2 76 0 0 0 0
 140 3 2 47 0 0 0 0
 143 3 2 47 0 0 0 0
 144 3 2 47 0 0 0 0
 146 3 2 47 0 0 0 0
 147 3 2 47 0 0 0 0
 154 2 4 55 0 0 0 0
 155 2 4 55 0 0 0 0
 157 2 4 55 0 0 0 0
 157 4 3 47 0 0 0 0
 158 4 3 47 0 0 0 0
 159 4 3 47 0 0 0 0
 160 4 3 47 0 0 0 0

fig 30-12

PT911M

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89 144

78 56 27

LUCAS...

47 76 123

74 56 26

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 74 0 0 0 6276 0
 0 7 0 80 0 385 0 6501
 40 25 3 0 3292 1436 141 0
 3 0 85 0 141 0 5922 0

0 0 74 0 0 0 6276 0
 0 7 0 80 0 385 0 6501
 40 25 3 0 3292 1436 141 0
 3 0 85 0 141 0 5922 0

PT13SNCOM

BILAN NB RESONANCES PAR LONGUEURS...

FIBONACCI...

55 89

56 21

LUCAS...

47 76 123

60 36 5

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES

0 0 26 0 0 0 1668 0
 1 20 0 30 55 1100 0 2126
 37 19 5 0 2583 1038 235 0
 0 0 40 0 0 0 2315 0

0 0 26 0 0 0 1668 0
 1 20 0 30 55 1100 0 2126
 37 19 5 0 2583 1038 235 0
 0 0 40 0 0 0 2315 0

Figure 31-

31.1

CLASSEMENT

64 76 39 18 72 10 83 12 1 82 90 95 37 51 60 53 92 45 5 81 89 71 6 14 50 31 77
 56 41 21 54 70 2 96 19 26 27 93 55 8 97 47 62 57 29 99 74 65 94 63 46 9 61 79
 4 66 32 48 73 36 17 91 3 11 28 4 13 16 22 100 69 80 33 68 43 40 59 38 42 25 52
 0 7 84 35 23 85 67 58 44 30 24 86 87 78 75 98 88 49
 26836 26825 26798 25328 24815 24680 24673 24247 23891 23810 23807 23692 23479
 434 23420 23381 23119 22779 22727 22401 21971 21835 21661 21508 21104 21085 210
 6 20865 20645 20629 20406 20373 20244 19959 19941 19813 19500 19477 19444 1935
 19288 19231 19117 18825 18729 18678 18616 18581 18453 18348 18343 18303 18066
 863 17795 17787 17787 17761 17587 17549 17530 17408 17379 17270 16906 16847 16
 6 16811 16785 16739 16506 16483 16358 16138 16102 16048 15846 15685 15648 1562
 15261 14830 14710 14548 14535 14265 13562 13326 12875 12855 12848 12470 11484
 415 11406 10640 10076 9763 8925 8851

GENE REEL

0 0 69 0 0 0 6145 0
 0 7 0 77 0 385 0 6514
 37 27 3 0 2923 1530 141 0
 3 0 79 0 141 0 5810 0

10 MEILLEURS GENES

0 0 79 0 0 0 6546 0
 12 15 0 61 660 825 0 4972
 35 25 0 0 3046 1494 0 0
 0 0 105 0 0 0 8961 0

0 0 68 0 0 0 5682 0
 0 5 0 49 0 275 0 3859
 64 31 0 0 4671 1805 0 0
 0 0 114 0 0 0 10202 0

0 0 59 0 0 0 4496 0
 11 7 0 82 605 385 0 7302
 41 35 0 7 3122 2717 0 329
 0 0 82 0 0 0 7518 0

0 0 72 0 0 0 6619 0
 0 0 0 35 0 0 0 2820
 37 49 3 0 2163 3614 141 0
 0 0 109 0 0 0 9666 0

0 0 47 0 0 0 4281 0
 9 8 0 66 495 440 0 4590
 68 33 0 0 4938 1928 0 0
 0 0 98 0 0 0 7814 0

0 0 27 0 0 0 1825 0
 3 0 0 93 165 0 0 7635
 89 68 11 0 6769 4431 517 0
 0 0 52 0 0 0 2995 0

0 7 73 0 0 385 6090 0
 9 13 0 24 495 715 0 1796
 72 37 0 0 5115 3180 0 0
 0 7 82 0 0 329 6244 0

0 0 50 0 0 0 3912 0
 7 2 0 90 385 110 0 6936
 20 60 0 1 1027 3961 0 47
 0 0 89 0 0 0 7550 0

0 0 69 0 0 0 6145 0
 0 7 0 77 0 385 0 6514
 37 27 3 0 2923 1530 141 0
 3 0 79 0 141 0 5810 0

0 0 45 0 0 0 3854 0
 0 0 0 93 0 0 0 7878
 39 41 2 0 1949 2543 94 0
 0 0 73 0 0 0 7199 0

GENE SELECTIONNE PARMI 100 SYNONIMES CONDUISANT AU MEME
POLYPEPTIDE (ACIDES AMINES) AUE PT911...

ANALYSE COMPAREE DES RESONANCES ENTRE PT911 ET CE GENE OPTIMUM

SEQUENCE PT911 (PRECURSEUR PT911 + GENE PT911)

```

FIBO...
55 89 144
67 55 31
LUCAS
47 76 123
69 54 26

```

SYNTHESE VENTILEE PAR TYPES DE RESONANCES ET DE BASES
0 0 69 0 0 0 6145 0

[illegible]

SEQUENCE OPTIMALE (PRECURSEUR PT911 + GENE OPTIMAL)

```

FIBO...
55 89 144
87 43 29
LUCAS
47 76 123 199
52 63 46 4

```

SIN	11	7	0	82	605	385	0	7302
41	35	0	7	3122	2717	0	329	
0	0	82	0	0	0	7518	0	

86

Figure 32 -

32-1

COMPARAISON RESONANCES ENTRE:

GENE DEGENERER (PT13SNCO)

GENE NORMAL (PT911)

GENE OPTIMAL (OPTI1)

<=== A GAUCHE

<=== AU CENTRE

<=== A DROITE

47	3	1	123	2	1	3	144	13	4	3	199
48	3	1	123	3	1	3	144	14	4	3	199
49	3	1	123	4	1	3	144	15	4	3	199
51	3	1	123	5	1	3	144	16	4	3	199
85	3	1	123	6	1	3	144	1	2	4	144
59	1	3	89	7	1	3	144	2	2	4	144
89	2	4	89	8	1	3	144	3	2	4	144
90	2	4	89	9	1	3	144	6	2	4	144
91	2	4	89	10	1	3	144	7	2	4	144
92	2	4	89	12	1	3	144	8	1	3	144
95	2	4	89	17	1	3	144	8	2	4	144
96	2	4	89	19	1	3	144	9	1	3	144
97	2	4	89	20	1	3	144	10	1	3	144
99	2	4	89	21	1	3	144	10	2	4	144
100	2	4	89	29	2	4	144	11	2	4	144
101	2	4	89	30	2	4	144	12	1	3	144
102	2	4	89	31	2	4	144	12	2	4	144
108	1	3	89	32	2	4	144	14	2	4	144
110	1	3	89	33	2	4	144	15	2	4	144
116	1	3	89	34	2	4	144	17	1	3	144
117	1	3	89	35	2	4	144	20	2	4	144
118	1	3	89	36	2	4	144	21	2	4	144
120	1	3	89	37	2	4	144	22	2	4	144
123	2	4	89	38	2	4	144	23	2	4	144
126	2	4	89	39	2	4	144	24	2	4	144
127	2	4	89	40	2	4	144	25	2	4	144
1	4	3	76	43	2	4	144	26	2	4	144
31	3	2	76	51	1	3	144	42	1	3	144
33	3	2	76	52	1	3	144	43	1	3	144
34	3	2	76	56	1	3	144	44	1	3	144
35	3	2	76	62	1	3	144	45	1	3	144
36	3	2	76	11	4	3	123	68	1	3	144
37	3	2	76	12	4	3	123	69	1	3	144
38	3	2	76	14	4	3	123	11	4	3	123
39	3	2	76	18	4	3	123	12	4	3	123

32-2

58 3 1 76	19 4 3 123	13 4 3 123
59 3 1 76	24 4 3 123	25 4 3 123
60 3 1 76	29 4 3 123	26 4 3 123
61 3 1 76	30 4 3 123	27 4 3 123
65 4 3 76	32 4 3 123	28 3 2 123
66 4 3 76	33 4 3 123	28 4 3 123
75 3 1 76	34 4 3 123	29 4 3 123
79 3 1 76	43 3 1 123	30 4 3 123
80 3 1 76	44 3 1 123	32 4 3 123
81 3 1 76	45 3 1 123	33 3 2 123
113 4 3 76	45 4 3 123	33 4 3 123
114 4 3 76	46 4 3 123	34 3 2 123
115 4 3 76	47 3 1 123	34 4 3 123
116 4 3 76	51 4 3 123	35 3 2 123
117 4 3 76	56 3 1 123	39 3 2 123
118 4 3 76	57 3 1 123	40 3 2 123
120 4 3 76	60 4 3 123	41 3 2 123
121 4 3 76	84 3 1 123	43 3 2 123
122 3 1 76	88 3 1 123	45 4 3 123
122 4 3 76	89 3 1 123	47 4 3 123
123 3 1 76	91 3 1 123	48 4 3 123
124 3 1 76	92 3 1 123	49 4 3 123
125 3 1 76	1 1 3 89	50 4 3 123
125 4 3 76	2 1 3 89	52 3 1 123
127 3 1 76	3 1 3 89	54 3 1 123
128 4 3 76	4 1 3 89	55 3 1 123
129 4 3 76	21 1 3 89	65 4 3 123
140 3 1 76	41 2 4 89	74 3 1 123
141 3 1 76	42 2 4 89	75 3 1 123
143 3 1 76	43 2 4 89	76 4 3 123
16 1 3 55	44 2 4 89	83 3 1 123
18 1 3 55	45 1 3 89	84 4 3 123
23 1 3 55	45 2 4 89	85 4 3 123
36 2 1 55	46 2 4 89	86 4 3 123
81 2 2 55	47 1 3 89	87 4 3 123
84 2 2 55	53 1 3 89	88 3 1 123
85 2 2 55	54 2 4 89	88 4 3 123
86 2 2 55	55 2 4 89	89 4 3 123
87 2 2 55	56 2 4 89	90 3 1 123
88 2 2 55	57 2 4 89	90 4 3 123
98 1 3 55	58 2 4 89	91 3 1 123
98 2 4 55	59 2 4 89	91 4 3 123
99 1 3 55	60 2 4 89	92 3 1 123
99 2 4 55	61 2 4 89	92 4 3 123
100 1 3 55	62 2 4 89	1 1 3 89
107 2 2 55	63 2 4 89	14 2 4 89
110 1 3 55	64 2 4 89	15 2 4 89
111 2 2 55	65 1 3 89	16 2 4 89
112 1 3 55	66 1 3 89	17 2 4 89
112 2 2 55	79 2 4 89	18 2 4 89
113 1 3 55	85 2 4 89	19 2 4 89
113 2 2 55	86 2 4 89	20 2 4 89
113 2 4 55	87 2 4 89	21 1 3 89
114 2 2 55	88 2 4 89	21 2 4 89
114 2 4 55	94 2 4 89	22 2 4 89
115 2 2 55	97 1 3 89	23 2 4 89
115 2 4 55	97 2 4 89	24 2 4 89
116 1 3 55	98 1 3 89	25 2 4 89
116 2 2 55	98 2 4 89	26 2 4 89
116 2 4 55	102 1 3 89	32 2 4 89

32-3

117	2	2	55	104	1	3	89	33	2	4	89
117	2	4	55	106	1	3	89	43	1	3	89
118	2	2	55	107	1	3	89	44	1	3	89
118	2	4	55	108	1	3	89	67	1	3	89
119	2	2	55	109	1	3	89	96	1	3	89
120	2	2	55	109	2	4	89	99	1	3	89
121	1	3	55	111	1	3	89	99	2	4	89
121	2	2	55	115	2	4	89	100	1	3	89
122	1	3	55	116	2	4	89	100	2	4	89
122	2	2	55	117	2	4	89	101	2	4	89
123	2	2	55	118	2	4	89	102	2	4	89
126	1	3	55	122	1	3	89	103	2	4	89
127	1	3	55	123	1	3	89	104	2	4	89
128	1	3	55	124	1	3	89	109	2	4	89
135	1	3	55	124	2	4	89	110	2	4	89
136	2	4	55	125	2	4	89	111	2	4	89
140	2	4	55	126	2	4	89	112	2	4	89
141	2	4	55	5	4	3	76	113	2	4	89
142	2	4	55	13	4	3	76	114	2	4	89
157	2	4	55	14	4	3	76	115	2	4	89
158	2	4	55	18	4	3	76	116	2	4	89
159	2	4	55	19	4	3	76	117	2	4	89
161	2	4	55	20	4	3	76	118	2	4	89
8	3	2	47	21	4	3	76	119	2	4	89
29	4	3	47	37	3	1	76	124	2	4	89
30	4	3	47	39	3	1	76	125	2	4	89
31	3	2	47	40	3	1	76	126	2	4	89
32	3	2	47	41	3	1	76	1	4	3	76
34	3	2	47	46	3	1	76	2	4	3	76
35	3	2	47	50	3	1	76	5	4	3	76
36	3	2	47	50	4	3	76	7	3	2	76
40	3	2	47	51	4	3	76	8	3	2	76
43	3	2	47	52	4	3	76	10	3	2	76
44	3	2	47	53	4	3	76	13	3	2	76
45	3	2	47	54	4	3	76	13	4	3	76
46	3	2	47	55	4	3	76	14	3	2	76
47	3	2	47	58	3	1	76	14	4	3	76
61	3	2	47	59	3	1	76	15	3	2	76
62	3	2	47	60	3	1	76	15	4	3	76
63	3	2	47	61	3	1	76	16	4	3	76
70	3	3	47	62	3	1	76	17	3	2	76
71	3	1	47	65	4	3	76	17	4	3	76
72	3	1	47	69	4	3	76	18	3	2	76
73	3	1	47	98	4	3	76	18	4	3	76
74	3	1	47	100	4	3	76	19	3	2	76
79	3	1	47	101	4	3	76	19	4	3	76
79	3	3	47	102	4	3	76	20	3	2	76
80	3	3	47	109	4	3	76	20	4	3	76
81	3	3	47	110	4	3	76	21	3	2	76
82	3	3	47	111	3	1	76	21	4	3	76
95	4	3	47	111	4	3	76	22	3	2	76
96	4	3	47	112	4	3	76	23	3	2	76
97	4	3	47	113	4	3	76	24	3	2	76
98	4	3	47	114	4	3	76	44	3	2	76
99	4	3	47	116	4	3	76	46	4	3	76
103	4	3	47	117	4	3	76	49	4	3	76
104	4	3	47	118	4	3	76	72	4	3	76
105	4	3	47	122	4	3	76	73	4	3	76
109	4	3	47	123	4	3	76	74	4	3	76
110	4	3	47	129	4	3	76	75	4	3	76

32-4

112	4	3	47	130	3	2	76	76	3	2	76
113	4	3	47	130	4	3	76	76	4	3	76
117	4	3	47	131	3	2	76	77	4	3	76
118	3	1	47	131	4	3	76	83	3	1	76
119	3	1	47	132	3	2	76	84	3	1	76
120	3	1	47	133	3	2	76	85	3	1	76
121	4	3	47	134	3	2	76	86	3	1	76
122	4	3	47	135	3	2	76	91	3	1	76
123	4	3	47	136	3	2	76	92	3	1	76
129	4	3	47	137	3	2	76	93	4	3	76
131	4	3	47	138	3	2	76	94	3	1	76
152	3	1	47	10	1	3	55	98	4	3	76
153	3	1	47	25	1	3	55	100	4	3	76
154	3	1	47	27	1	3	55	101	4	3	76
158	3	1	47	28	1	3	55	102	4	3	76
158	4	3	47	28	2	4	55	103	3	1	76
159	3	1	47	30	2	4	55	103	4	3	76
161	4	3	47	31	1	3	55	104	3	1	76
162	4	3	47	31	2	4	55	104	4	3	76
163	4	3	47	32	2	4	55	105	3	1	76
165	3	1	47	33	2	4	55	105	4	3	76
166	3	1	47	35	1	3	55	106	3	1	76
167	3	1	47	37	1	3	55	106	4	3	76
0	0	0	0	39	2	4	55	107	3	1	76
0	0	0	0	43	2	4	55	107	4	3	76
0	0	0	0	44	2	4	55	108	4	3	76
0	0	0	0	45	2	4	55	136	3	1	76
0	0	0	0	46	2	4	55	136	4	3	76
0	0	0	0	47	2	4	55	137	3	1	76
0	0	0	0	48	2	4	55	139	3	1	76
0	0	0	0	49	2	4	55	11	1	3	55
0	0	0	0	50	1	3	55	12	1	3	55
0	0	0	0	50	2	4	55	13	1	3	55
0	0	0	0	51	1	3	55	14	1	3	55
0	0	0	0	52	1	3	55	15	2	1	55
0	0	0	0	55	1	3	55	20	2	1	55
0	0	0	0	56	1	3	55	21	2	1	55
0	0	0	0	57	1	3	55	22	2	1	55
0	0	0	0	58	1	3	55	23	2	1	55
0	0	0	0	71	2	2	55	24	2	1	55
0	0	0	0	72	2	2	55	25	1	3	55
0	0	0	0	73	2	2	55	25	2	1	55
0	0	0	0	83	1	3	55	27	1	3	55
0	0	0	0	89	1	3	55	28	1	3	55
0	0	0	0	91	1	3	55	28	2	4	55
0	0	0	0	91	2	2	55	30	2	1	55
0	0	0	0	92	1	3	55	30	2	4	55
0	0	0	0	93	1	3	55	31	1	3	55
0	0	0	0	93	2	2	55	31	2	1	55
0	0	0	0	94	2	2	55	31	2	4	55
0	0	0	0	94	2	4	55	32	2	4	55
0	0	0	0	95	2	2	55	33	2	1	55
0	0	0	0	95	2	4	55	33	2	4	55
0	0	0	0	96	2	4	55	34	2	1	55
0	0	0	0	99	2	4	55	35	1	3	55
0	0	0	0	100	2	4	55	36	1	3	55
0	0	0	0	101	2	4	55	44	1	3	55
0	0	0	0	105	1	3	55	45	1	3	55
0	0	0	0	106	2	4	55	46	1	3	55
0	0	0	0	107	1	3	55	50	1	3	55

32-5

0 0 0	0	107	2	4	55	59	1	3	55
0 0 0	0	108	2	4	55	64	1	3	55
0 0 0	0	110	1	3	55	81	1	3	55
0 0 0	0	111	1	3	55	82	1	3	55
0 0 0	0	114	2	4	55	84	1	3	55
0 0 0	0	117	1	3	55	85	1	3	55
0 0 0	0	118	1	3	55	86	1	3	55
0 0 0	0	122	1	3	55	88	1	3	55
0 0 0	0	123	1	3	55	102	2	4	55
0 0 0	0	124	1	3	55	103	2	4	55
0 0 0	0	131	1	3	55	104	2	4	55
0 0 0	0	132	2	4	55	107	1	3	55
0 0 0	0	136	2	4	55	108	1	3	55
0 0 0	0	137	2	4	55	109	1	3	55
0 0 0	0	138	2	4	55	109	2	4	55
0 0 0	0	154	2	4	55	110	2	4	55
0 0 0	0	155	2	4	55	111	2	4	55
0 0 0	0	157	2	4	55	112	1	3	55
0 0 0	0	16	4	3	47	112	2	4	55
0 0 0	0	17	4	3	47	113	2	4	55
0 0 0	0	18	4	3	47	114	2	4	55
0 0 0	0	26	4	3	47	115	2	4	55
0 0 0	0	27	4	3	47	116	1	3	55
0 0 0	0	28	4	3	47	116	2	4	55
0 0 0	0	30	3	2	47	117	2	4	55
0 0 0	0	31	3	2	47	118	2	4	55
0 0 0	0	32	3	2	47	119	1	3	55
0 0 0	0	33	3	2	47	120	1	3	55
0 0 0	0	34	3	2	47	122	1	3	55
0 0 0	0	35	3	2	47	123	1	3	55
0 0 0	0	36	3	2	47	124	1	3	55
0 0 0	0	37	3	2	47	127	1	3	55
0 0 0	0	38	3	2	47	128	1	3	55
0 0 0	0	38	4	3	47	130	1	3	55
0 0 0	0	39	4	3	47	132	1	3	55
0 0 0	0	42	3	2	47	132	2	4	55
0 0 0	0	43	3	2	47	133	1	3	55
0 0 0	0	43	4	3	47	141	1	3	55
0 0 0	0	47	4	3	47	142	1	3	55
0 0 0	0	48	4	3	47	146	1	3	55
0 0 0	0	49	4	3	47	148	2	4	55
0 0 0	0	50	4	3	47	149	2	4	55
0 0 0	0	51	4	3	47	150	2	4	55
0 0 0	0	52	4	3	47	151	2	2	55
0 0 0	0	56	4	3	47	151	2	4	55
0 0 0	0	57	4	3	47	152	2	4	55
0 0 0	0	59	4	3	47	153	2	4	55
0 0 0	0	61	4	3	47	154	2	2	55
0 0 0	0	65	3	1	47	154	2	4	55
0 0 0	0	68	3	3	47	155	2	2	55
0 0 0	0	72	3	3	47	155	2	4	55
0 0 0	0	73	3	3	47	156	2	2	55
0 0 0	0	80	4	1	47	157	2	2	55
0 0 0	0	83	4	1	47	157	2	4	55
0 0 0	0	88	4	1	47	158	2	2	55
0 0 0	0	90	4	3	47	159	2	2	55
0 0 0	0	91	4	3	47	160	2	4	55
0 0 0	0	92	4	3	47	2	3	4	47
0 0 0	0	93	4	3	47	3	3	4	47
0 0 0	0	94	4	3	47	4	3	4	47

32-6

0 0 0	0	95 4 3	47	6 3 4	47
0 0 0	0	102 3 1	47	7 3 4	47
0 0 0	0	103 3 1	47	8 3 4	47
0 0 0	0	104 3 1	47	9 3 4	47
0 0 0	0	105 3 1	47	14 3 2	47
0 0 0	0	106 3 1	47	15 3 2	47
0 0 0	0	107 3 1	47	16 3 2	47
0 0 0	0	109 3 1	47	19 4 3	47
0 0 0	0	110 3 1	47	24 3 2	47
0 0 0	0	125 3 1	47	24 4 3	47
0 0 0	0	125 4 3	47	25 3 2	47
0 0 0	0	127 3 1	47	25 4 3	47
0 0 0	0	127 4 3	47	26 3 2	47
0 0 0	0	128 3 1	47	26 4 3	47
0 0 0	0	129 3 1	47	27 4 3	47
0 0 0	0	130 3 1	47	28 4 3	47
0 0 0	0	132 3 2	47	29 4 3	47
0 0 0	0	133 3 2	47	30 4 3	47
0 0 0	0	140 3 2	47	31 4 3	47
0 0 0	0	143 3 2	47	38 4 3	47
0 0 0	0	144 3 2	47	39 4 3	47
0 0 0	0	146 3 2	47	60 3 2	47
0 0 0	0	147 3 2	47	61 3 1	47
0 0 0	0	157 4 3	47	62 3 1	47
0 0 0	0	158 4 3	47	63 3 1	47
0 0 0	0	159 4 3	47	64 4 3	47
0 0 0	0	160 4 3	47	65 3 2	47
0 0 0	0	0 0 0	0	66 3 2	47
0 0 0	0	0 0 0	0	67 3 2	47
0 0 0	0	0 0 0	0	68 3 2	47
0 0 0	0	0 0 0	0	89 4 3	47
0 0 0	0	0 0 0	0	90 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	92 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	116 4 3	47
0 0 0	0	0 0 0	0	120 4 3	47
0 0 0	0	0 0 0	0	125 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	125 4 3	47
0 0 0	0	0 0 0	0	127 4 3	47
0 0 0	0	0 0 0	0	147 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	148 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	149 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	152 4 3	47
0 0 0	0	0 0 0	0	156 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	157 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	158 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	159 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	163 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	167 3 1	47
0 0 0	0	0 0 0	0	168 3 1	47